

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第6部門第3区分

【発行日】平成17年11月10日(2005.11.10)

【公表番号】特表2001-519070(P2001-519070A)

【公表日】平成13年10月16日(2001.10.16)

【出願番号】特願平10-544599

【国際特許分類第7版】

G 06 F 17/30

A 61 K 38/00

A 61 K 39/21

A 61 P 31/18

C 07 K 14/155

G 01 N 33/68

【F I】

G 06 F 17/30 170 F

A 61 K 39/21

A 61 P 31/18

C 07 K 14/155

G 01 N 33/68

G 06 F 17/30 350 A

A 61 K 37/02

【手続補正書】

【提出日】平成17年3月23日(2005.3.23)

【手続補正1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】補正の内容のとおり

【補正方法】変更

【補正の内容】

手続補正書

平成17年3月23日

特許庁長官殿



1. 事件の表示 平成10年特許願第544599号

2. 補正をする者

住 所 カナダ国 オンタリオ州 キングストン (番地なし)
 名 称 クイーンズ ユニバーシティー アット キングストン

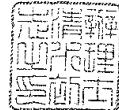
3. 代理人

住 所 〒300-0847 茨城県土浦市御町1-1-1

関鉄つくばビル6階

電話 (029) 841-2001

A297 氏 名 (10297) 弁理士 清水 初志



4. 補正対象書類名 明細書

5. 補正対象項目名 明細書、請求の範囲および図面

6. 補正の内容



(1) 明細書第2頁第6行目～第3頁第3行目を以下の通り補正する。

塔によるたとえをさらに続け、本発明者らは、この建造物の各「フロア」は(k)個の「スイート」を含み、各スイートは $|A|^k$ 個の「部屋」を含むと表現する。言い換えると、格子の k 階は(k)通りの異なる k 項数の列変数に対応し、各 k 項数は $(|A| \text{ by } |A| \cdots \text{ by } |A|)$ の分割表と関連し、その各セルにはそれらの特定の方 式
審査

k 列の間の相関に関する古典的分割表検定に用いるための特定の結合記号 (joint symbol) $(a_{i_1}, a_{i_2}, \dots, a_{i_k})$ の計数度数が求められている必要がある (図1a参照)。

(2) 明細書第3頁第22行目～第25行目を以下の通り補正する。

高次確率の程度を決定するための種々の方法では、求める高次特徴の幅 k (図3a参照)、位置 (図2a)、数または相関の度合い、および考慮するモデルの種類に対してあらかじめ厳密な制限を加えることにより、組み合わせの爆発的増加を回避しようとする (図4a参照)。

(3) 明細書第20頁第28行目～第21頁第26行目を以下の通り補正する。

図1aは、部分集合の演算の下に格子として配置された、 $N=6$ の対象を有する集合の幂集合を示したものであり、その幂集合によるすべての可能な k 項数の列を示している。

図1bは、図1aにより示された (黒の四角形) または省かれた (白の四角形) すべての格子結節点の相対的位置を示すものである。

図2aは、図1aの幂集合に関して $n=1, 2, \dots, 6$ のすべてのサイズのn-グラム (n-gram) を示すものである。

図2bは、図2aにより示されたまたは省かれたすべての格子結節点の相対的位置を、項の部分集合を強調して示したものである。

図3aは、格子の底面からみて第3層の分析に対応する、図1aの幂集合に関するすべての可能な対相関 (pairwise correlation) を示すものである。これは例えば、蛋白質およびRNA配列ファミリーにおける残基間相関に対してとられる便法である。もう一つの例において、この図は、消費者によって一緒に購入される傾向のある販売品目のすべての対を簡単に見いだす方法でとられるアプローチを示す。

図3bは、図1aの幂集合のうち図3aに関連する相関を図示したものである。

図4aは、図1aの幂集合の対象の変数の区分を示したものである。分割は配列ファミリーまたはその他の整列化したデータセットの、一つの特殊で重要な種類の

成分モデル (componential model) である。成分モデルにおいて、 N_y 個の固有な y_i 変数の集合が見出され、 N 個の観測可能な変数 c_i のより大きな集合が「生成」または「説明」できる。分割モデルでは、 $N_y \leq N$ であり、各 c_i は厳密に一つの y_i によって生成され、典型的には $N_y < N$ である。一つの固有値に対応する顕在変数は一種の小集団を形成し、おそらく互いには高度に相関し、その小集団以外の変数とは相対的に相関しないと考えられる。図4aでは、顕在変数は3つの小集団に分けられる： (C_1) (C_2, C_5, C_6) および (C_3, C_4)。

図4bは、図1aの幂集合のうち図4aの区分を図示したものである。

図5aは、本発明の一つの態様による、データセットのサンプリングの3回の反復を示したものである。

図5bは、図5aのサンプリングの3回の反復を、注釈とともに示したものである。

(4) 明細書第22頁第12行目～第14行目を以下の通り補正する。

図15aは、配列の一一致が保存された物理的または構造的な関連を示す可能性のある、図15bの標本3D構造の任意の配列に関する残基の図である。

図15bは、標本の蛋白質に関する3D構造の図である。

(5) 明細書第26頁第15行目～第22行目を以下の通り補正する。

相関を検討した。独立変数が存在するという基礎仮説が真であるとして、データベースの調査における何らかの事象の観測発生数と期待される数とを比較することができる。すなわち、問題は以下の通りである： 値の表が与えられたとして、
 $(a_{i1} @ c_{i1}, a_{i2} @ c_{i2}, \dots, a_{ik} @ c_{ik})$ の何らかの観測挙動、何らかの実数閾値 $\theta_i \in [0, 1]$ およびその推定または仮説検定の方法の基礎となる何らかのモデルに対し、 $k = 2 \cdots N_A$ のすべてについて、 $P(\text{Observed}(a_{i1} @ c_{i1}, a_{i2} @ c_{i2}, \dots, a_{ik} @ c_{ik}) | \text{Independent}(c_{i1}, c_{i2}, \dots, c_{ik}), \text{Model}) < \theta_i$ であるようなすべての k 項数の属性 $(a_{i1} @ c_{i1}, a_{i2} @ c_{i2}, \dots, a_{ik} @ c_{ik})$ の一覧を返す。

(6) 明細書第33頁第11行目～第13行目を以下の通り補正する。

図5bは、好ましい態様のプログラム法の説明に関して以下により詳細に考察される、図5aに例示された実施例に対して適用されたこれらの項を例示したものである。

(7) 明細書第34頁第13行目～第18行目を以下の通り補正する。

一致集合 (set) 、またはCsetは、対象 (列) 5 の何らかの集合内の $1 \leq k \leq NA$ 属性 (行) 1の結合アピアランスを含むパターンとして定義することができる。すなわち、何らかの一つもしくは複数の列5を考慮に入れると、 a_{j1}, a_{j2}, \dots および a_{jk} が全て一つもしくは複数の所与の列に生じる場合、cset $a_{j1}, a_{j2}, \dots, a_{jk}$ が存在する。たとえば、図5bに示した式3によって決められる要素A@c1、B@c2、D@c4は、セット (c セット) に一致する。

(8) 明細書第35頁第6行目～第12行目を以下の通り補正する。

一致の観測数 一致を観測し、対応するcsetを「ビンニング (binning) 法」により保存またはアップデートする。各反復(iteration)において、属性を二値列化 (binned) し、分離された部分集合の中に、その時の反復におけるそれらの結合 (incidence) ベクター2割るr—試料4に従い配置した。ここに記載された本発明のマトリックスに基づく態様において、これらのベクターは、2^r アドレススペースの、非常にまばらな部分集合中に配置 (addresses) する r—ビットのように振舞う(図5aおよび5b参照)。

(9) 明細書第38頁第17行目～第27行目を以下の通り補正する。

図5aは、架空の小型データセットに対するこの態様の適用の例を図面で提供している。小型データセットに対するr個の標本抽出 ($r=3$ に関して) の3回の反復が上から下の順に描写されている。各反復に関して、左側の枠はデータセットを表し、その中の枠で囲まれた部分はサンプリングされた行を表す。右側の枠は、属性が重なる二値列 (bin) の集合を表す。例えば、1回目の反復では、サンプリングされた3つの行のうち1番目および2番目で、A@1、B@2およびD@4のすべて

が生じており、このためそれらはそれぞれ一致ベクトル110を有し、その二進アドレスによって表記された二値列において重なる。单一の属性のみを含む二値列は無視され、「空白の」二値列は全く生成されない。すべての二値列は各反復の後に消去および除去されるが、重なり(collision)はCsetの全体的データ構造に記録される。

(10) 明細書第44頁第10行目～第16行目を以下の通り補正する。

コンピュータプロセッサは、アルゴリズムのR・標本抽出ステップ(疑似コードにおけるステップ8および図5aに図示されたもの)を実行する何らかの特殊なプロセッサと定義される。これは態様を単にベクトル配置に限定するのではなく、このようなノードのツリー構造の可能性をもたらす。メモリバス用ハードウェアの任意の特定の選択に関して、ノード当たりのCPの数に対して最大限に有用な制限があるという場合も考えられる。ツリー構造によりこの制限の回避が可能となる。

(11) 明細書第53頁第25行目～第54頁第8行目を以下の通り補正する。

第2に、位置(相同配列の整列化における列)の間の統計的関係に関して、「次に高いレベル」で抽出される情報がある。連結記号のk項数が出現する頻度の存在を3D構造相互作用の推論に用いることができる場合、多くの異なる連結記号の出現の集合にわたっての位置(列)の間の特定の情報理論的関係により、このような推論ははるかに強く裏づけられ得る。このため、このような記号的関係は蛋白質鎖の異なる部分の間での進化的に保存された物理的または構造的関係を示しうる(図15a参照)。列の間の相互情報および他の相関の程度に高値が観測されることは、RNAおよびHIV蛋白質における3D構造相互作用の予測に好首尾に用いられており、例えばシャノン(C.E. Shannon)およびウィーバー(W. Weaver)、通信の数学的理論(The Mathematical Theory of Communication)、The University of Illinois Press, 1964を参照されたい。これらの以前に発表された取り組みでは、対の残基・残基間相互作用に対象を絞っているが、本明細書で記載される原理は $2 \leq k \leq N$ のk項相互作用の検出を目的とする。

(12) 明細書第74頁第15行目～第28行目を以下の通り補正する。

この方式はまた、本明細書の別の箇所で説明するように、属性による、核酸またはタンパク質に第一次構造の表記にも用いることができる。第一次構造は、「配列」、すなわち、DNAまたはRNA中の塩基またはヌクレオチドの配列として、またタンパク質中のアミノ酸残基とも呼ばれるアミノ酸配列として知られている。例えば、天然に存在する20の標準アミノ酸の一つひとつに対応するアルファベットの文字である記号を用いた記号の配列として、タンパク質の配列を表記することは容易である。また、この表記を20の二進の属性の集合による配列において、個々の残基または位置を表記して、もしそのような表記が望ましい場合に、この表記を変換することも容易である。これらの属性は、上記のスクリーンのようにはたらく。例えば、タンパク質Pの最初のアミノ酸が、Aで表されるアラニンであれば、「位置1のアミノ酸はアラニンか」という問い合わせを表す属性において、「1」の値により表記することができ、また、「位置1のアミノ酸はシステインか」、「位置1のアミノ酸はフェニルアラニンか」等を表す属性において、「0」の値により表記することができる。図15aはアミノ酸および残基の位置を表す。

(13) 明細書第104頁第11行目～第12行目を以下の通り補正する。

先条件および作用変数を含むデータベースの分析への本明細書に記載された原理の応用に関する手順には以下が含まれる。

(14) 請求の範囲を別紙の通り補正する。

(15) 図面を別紙の通り補正する。

請求の範囲

- 対象のデータセットとともに用いるための一一致検出法であって、該対象が多数の属性を有する、下記の段階を含む方法：

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の報告。

- 観測数と期待数との比較が尾部確率に関するチャーノフ境界を用いて計算される、請求項1記載の一一致検出法。

- 数がサンプリングされた部分集合のすべてにわたって各一致の数の連続的な合計を保存することによって記録される、請求項1記載の一一致検出法。

- 少なくとも一つの対象が、各トランザクションが一つまたは複数の購入された製品を含む販売トランザクションに相当し、少なくとも一つの属性が特定の製品または特定の種類の製品の販売の事例に相当する、請求項1記載の方法。

- 少なくとも一つの対象が選択された時点に相当し、少なくとも一つの属性がシステムにおける要素の状態に相当する、請求項1記載の方法。

- 少なくとも一つの対象が選択された時点に相当し、少なくとも一つの属性が金融証書または商品の価格または価格の変動に相当する、請求項1記載の方法。

- 方法の段階が以下の疑似コードによって表現される請求項1記載の方法：

```
0. begin  
1. read (MATRIX);  
2. read (R, T);  
3. compute_first_order_marginals(MATRIX);  
4. csets := {};
```

5. for iter = 1 to T do
 6. sampled_rows :=rsample(R, MATRIX);
 7. attributes :=get_attributes(sampled_rows);
 8. all_coincidences :=find_all_coincidences(attributes);
 9. for coincidence in all_coincidences do
 10. if cset_already_exists(coincidence, csets)
 11. then update_cset(coincidence, csets);
 12. else add_new_cset(coincidence, csets);
 13. endif
 14. endfor
 15. endfor
 16. for cset in csets do
 17. expected :=compute_expected_match_count(cset);
 18. observed :=get_observed_match_count(cset);
 19. stats :=update_stats(cset, hypoth_test(expected, observed));
 20. endfor
 21. print_final_stats(csets, stats);
 22. end.
8. データセットのサンプリングの前に、データセットがその行列のサンプリングによってサンプリングされる、対象と属性からなる行列の形で対象および属性を提示する段階をさらに含む、請求項1記載の方法。
9. 請求項1記載の方法、および、さらに
報告された相関属性によって規定される規則の適用
の段階を含む方法。
10. 少なくとも一つの対象が化合物に相当し、少なくとも一つの属性が特定の化学成分に相当する、請求項1記載の方法。
11. 少なくとも一つの対象がペプチドまたは蛋白質に相当し、少なくとも一つの属性がモチーフの特定の構造または下部構造のパターンに相当する、請求項1記載の方法。
12. 少なくとも一つの対象が化合物、分子構造、ヌクレオチド配列およびアミノ酸配列からなる群より選択されるものに相当し、少なくとも一つの属性が選択された対象の特徴に相当する、請求項1記載の方法。
13. 少なくとも一つの対象が被験者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項1記載の方法。
14. 少なくとも一つの対象が、電子的に保存されるおよび／または電子的に索

引が付けられた (indexed) 文書に相当し、少なくとも一つの属性が題目に相当する、請求項1記載の方法。

15. 少なくとも一つの対象が消費者に相当し、少なくとも一つの属性が該消費者によって購入された、または購入されなかった製品に相当する、請求項1記載の方法。
16. 少なくとも一つの属性が、消費者に対して郵送されたこと、またはされなかったことに相当する、請求項15記載の方法。
17. 少なくとも一つの対象が製品に相当し、少なくとも二つの属性が該製品を購入した、または購入しなかった消費者に相当する、請求項1記載の方法。
18. 少なくとも二つの属性が消費者の人口統計変数に相当する、請求項17記載の方法。
19. 少なくとも一つの対象が特定の疾患または障害を有する人に相当し、少なくとも一つの属性が疾患または障害に対する寄与因子の可能性があるものに相当する、請求項1記載の方法。
20. 少なくとも一つの対象が多数の異なる疾患または障害を有する人に相当し、少なくとも一つの属性が該疾患または障害に対する寄与因子の可能性があるものに相当する、請求項1記載の方法。
21. 少なくとも一つの対象が疾患または障害に対する寄与因子の可能性があるものに相当し、少なくとも一つの属性が該因子を持つまたは持たない人に相当し、該疾患または障害に対する実質的に等価なリスクを持つ人々の群を関連づける、請求項1記載の方法。
22. 少なくとも一つの対象が選択された時点に相当し、少なくとも二つの属性がシステムの故障前の時点におけるシステム内の要素の状態に相当し、システムの故障を潜在的に引き起こしうる要素の状態を関連づける、請求項1記載の方法。
23. 第1に、システム状態が選択された時間量にわたる状態変数の値によって提示されるシステム状態間の移行のデータベースを作成する段階、および各状態から状態への移行の集合が対象の一つに対応し、このため各状態変数がある属性に対応するようなデータセットとして全体的または部分的にデータベースを提示する段階をさらに含む、請求項1記載の方法。
24. 第1に、選択された時間量にわたる状態および作用のデータベースを作成する段階、および各状態／作用／状態の3つ組が対象の一つに対応し、このため各状態変数または作用のタイプがある属性に対応するようなデータセットとして全体的または部分的にデータベースを提示する段階をさらに含む、請求項1記載の方法。
25. 対象のデータセットとともに用いるための一一致検出法であって、該対象が

多数の属性を有する、下記の段階を含む方法：

対象がある属性を有する場合にその属性が対象において出現すると呼ばれる
、 N_A 個の変数（「属性」）を頂とするM個の対象の集合の表示、

複数の反復における各反復 i に関する、M個の対象からの r_i 個の部分集合のサンプリング、

一致がサンプリングされた部分集合における r_i 個の対象のうち同じ h_i 個における $1 \leq k \leq N_A$ 個の属性の同時出現であって、 $0 \leq h_i \leq r_i$ である、サンプリングされた対象の部分集合のそれぞれにおけるk個の属性の集合間での一致の検出および記録、

上記のk個の属性の任意の集合ならびに複数のサンプリングおよび一致計数の反復に関する一致の期待数の決定、

k個の属性の任意の集合ならびにサンプリングおよび一致計数の反復回数に関する一致の観測値と期待数との比較、ならびにこの比較によるk個の属性の集合に関する相関（または結合もしくは依存）の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、選択された相関の程度についてあらかじめ決定された閾値を上回る値を持つことがこの過程によって決定された N_A 個の属性のkの集合である、k項数の相関属性の集合の報告。

26. r_i がすべての反復に関して同一である、請求項25記載の一致検出法。

27. 数値的相関値がk項数の相関属性の集合とともに報告される、請求項25記載の方法。

28. 対象のデータセットの視覚的表示のための方法であって、該対象が多数の属性を有する、下記の段階を含む方法：

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象について属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現について同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の、グラフィカル

インターフェースを通じてのユーザーに対する報告。

29. 対象のデータセットの高次相互作用を捕捉してデータモデル化ユニットに報告するための、データモデル化ユニットとともに用いるための予備処理の方法であって、該対象が多数の属性を有する、下記の段階を含む方法：

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の、データモデル化ユニットへの報告。

30. 対象のデータセットとともに用いるための相関消去の方法であって、該対象が多数の属性を有する、下記の段階を含む方法：

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の消去。

31. 各対象が多数の属性を有する、対象のデータセットとともに用いるための

一致検出システムであって、下記の手段を含むシステム：

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリングのための手段、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録のための手段、

検出される関心対象の各一致に関する期待数の決定のための手段、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定のための手段、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の報告のための手段。

32. 集合体 (aggregate) におけるシステムの手段が以下の疑似コードによって表現される方法を実施する、請求項31記載の一致検出システム：

```
0. begin
1. read (MATRIX);
2. read (R, T);
3. compute_first_order_marginals(MATRIX);
4. csets := {};
5. for iter = 1 to T do
6.   sampled_rows := rsample(R, MATRIX);
7.   attributes := get_attributes(sampled_rows);
8.   all_coincidences := find_all_coincidences(attributes);
9.   for coincidence in all_coincidences do
10.     if cset_already_exists(coincidence, csets)
11.       then update_cset(coincidence, csets);
12.     else add_new_cset(coincidence, csets);
13.   endif
14. endfor
15. endfor
16. for cset in csets do
```

```
17. expected :=compute_expected_match_count(cset);  
18. observed :=get_observed_match_count(cset);  
19. stats :=update_stats(cset, hypoth_test(expected, observed));  
20. endfor  
21. print_final_stats(cssets, stats);  
22. end.
```

33. データセットの部分集合のサンプリングのための手段がデータセットを分割してサンプリング用の部分集合にするための手段を含む、請求項31記載の一致検出システム。

34. 一致の検出および数の記録のための手段が、それぞれのプロセッシングノードが一致の検出および各サブ数の記録をするプロセッシングノードのアレイを含むことができ、関心対象の各一致に関して該一致の観測数と前記一致の期待数とを比較するための手段が、該サブ数をマージして該観測数を提供するための手段を含む、請求項33記載の一致検出システム。

35. プロセッシングノードの少なくとも一つがそれぞれの一致のサブサブ数を検出および記録するそれぞれのプロセッシングノードのサブアレイを含み、マージのための手段が該サブサブ数をマージしてサブ数および／または観測数を提供する、請求項34記載の一致検出システム。

36. 各プロセッシングノードが、データセットの受け取られた部分集合を保存するための入力バッファーおよびサブ数またはサブサブ数を保存するための出力バッファーを含むメモリ、ならびにメモリとの間でデータをやり取りするメモリバスを含む、請求項34または35記載の一致検出システム。

37. コンピュータと、多数の属性を有する対象のデータセットと共に用いるための一一致検出プログラム媒体であって、以下を含むプログラム媒体：

そのコンピュータと互換性がある保存媒体上に保存されたコンピュータプログラムであって、

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の報告のためにコンピュータを指向させる指示を含むコンピュータプログラム。

38. 対象のデータセットとともに用いるための一一致検出システムであって、該対象が多数の属性を有する、以下を含むシステム：

コンピュータ、ならびに

そのコンピュータと互換性のある保存媒体上に保存されたコンピュータプログラムであって、

各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

一致がデータセットのサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、データセットのサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の報告のためにコンピュータを指向させる指示を含むコンピュータプログラム。

39. 対象対属性という行列の形式で表現された多数の属性を有する対象のデータセットとともに用いるための一一致検出法であって、下記の段階を含む方法：

各反復で行列のサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたる行列の様々な部分集合のサンプリング、

一致が行列のサンプリングされた部分集合における一つまたは複数の対象における複数の属性値の同時出現であって、複数の属性値が各出現に関して同一であって、サンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録が他の部分集合における一致のサンプリング、検出および数の記録の前、同時または後に行われる、行列のサンプリングされた各部分集合における一致の検出および数の記録、

前述の段階において検出された関心対象の各一致に関する期待数の決定、

関心対象の各一致に関する一致の観測数と一致の期待数との比較、およびこの比較による、一致に関する複数の属性の相関の程度の決定、ならびに

k項数の相関属性が、それに関する相関の程度がそれぞれにあらかじめ決定された閾値を上回る複数の属性である、k項数の相関属性の集合の報告。

40. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項1記載の方法。

41. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項13記載の方法。

42. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項13記載の方法。

43. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項42記載の方法。

44. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項42記載の方法。

45. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項13記載の方法。

46. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項45記載の方法。

47. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項45記載の方法。

48. 少なくとも一つの属性がタンパク質の状態に相当する、請求項13記載の方法。

49. 少なくとも一つのタンパク質の状態が、生物学的に適切なリン酸化である、請求項48記載の方法。

50. 少なくとも一つのタンパク質の状態が翻訳後修飾である、請求項48記載の方法。

51. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性がタンパク質の状態に相当する、請求項13記載の方法。

52. 少なくとも一つのタンパク質の状態が、生物学的に適切なリン酸化である、請求項51記載の方法。

53. 少なくとも一つのタンパク質の状態が翻訳後修飾である、請求項51記載の方法。

54. 少なくとも一つの属性がタンパク質の位置に相当する、請求項13記載の方法。

55. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性がタンパク質の位置に相当する、請求項13記載の方法。

56. 少なくとも一つの属性が補助因子の存在に相当する、請求項13記載の方法

。

57. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が補助因子の存在に相当する、請求項13記載の方法。

58. 各対象が少なくとも一つの属性を有する対象のデータセットと共に使用するための一一致検出方法であって、下記の段階を含む方法：

(1) 各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

(2) データセットのサンプリングの結果に基づく属性一致の検出、

(3) 属性一致の記録、

(4) 少なくとも一つの記録された属性一致の数と、前述の段階(2)で検出された一致について求められる少なくとも一つの期待される属性一致の数との比較。

59. (5) 比較の結果に基づいて属性一致を報告する段階をさらに含む、請求項58記載の方法。

60. 報告された属性一致によって規定される規則を適用する段階をさらに含む、請求項59記載の方法。

61. 段階(5)が、少なくとも一つの相関数値と少なくとも一つのk項数の相関属性とを報告する段階を含む、請求項59記載の方法。

62. 対象およびデータセットの属性が行列で表される、請求項58記載の方法。

63. データセットをサンプリング用の部分集合に分離する段階をさらに含む、請求項58記載の方法。

64. 対象の複数の部分集合がサンプリングされ、サンプリングされる対象の部分集合のサイズが一定である、請求項58記載の方法。

65. 記録された属性一致と期待数との比較が、尾部確率に関するチャーノフ境界を用いて行われる、請求項58記載の方法。

66. 段階(3)が、サンプリングされたすべての部分集合にわたって検出された各属性一致の現在の総数を記憶する段階を含む、請求項58記載の方法。

67. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項58記載の方法

。

68. 少なくとも一つの対象が被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項58記載の方法。

69. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項68記載の方法。

70. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項68記載の方法。
71. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項70記載の方法。
72. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項70記載の方法。
73. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項68記載の方法。
74. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項73記載の方法。
75. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項73記載の方法。
76. 少なくとも一つの属性がタンパク質の状態に相当する、請求項68記載の方法。
77. 少なくとも一つのタンパク質の状態が、生物学的に適切なリン酸化である、請求項76記載の方法。
78. 少なくとも一つのタンパク質の状態が翻訳後修飾である、請求項76記載の方法。
79. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性がタンパク質の状態に相当する、請求項68記載の方法。
80. 少なくとも一つのタンパク質の状態が、生物学的に適切なリン酸化である、請求項79記載の方法。
81. 少なくとも一つのタンパク質の状態が翻訳後修飾である、請求項79記載の方法。
82. 少なくとも一つの属性がタンパク質の位置に相当する、請求項68記載の方法。
83. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性がタンパク質の位置に相当する、請求項68記載の方法。
84. 少なくとも一つの属性が補助因子の存在に相当する、請求項68記載の方法。
85. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が補助因子の存在に相当する、請求項68記載の方法。
86. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、

被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および、特定の薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項58記載の方法。

87. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項58記載の方法。

88. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項58記載の方法。

89. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項58記載の方法。

90. 觀測数と期待数を比較させる指示が、尾部確率に関するチャーノフ境界を用いる、請求項37記載の一一致検出プログラム媒体。

91. 数を記録させる指示が、すべてのサンプリングされた部分集合における各一致の現在の総数を保存させる指示を含む、請求項37記載の一一致検出プログラム媒体。

92. コンピュータプログラム指示が以下の疑似コードによって表現される、請求項37記載のプログラム媒体：

```
0. begin
1. read (MATRIX);
2. read (R, T);
3. compute_first_order_marginals(MATRIX);
4. csets := {};
5. for iter = 1 to T do
6.   sampled_rows := rsample(R, MATRIX);
7.   attributes := get_attributes(sampled_rows);
8.   all_coincidences := find_all_coincidences(attributes);
9.   for coincidence in all_coincidences do
10.     if cset_already_exists(coincidence, csets)
11.       then update_cset(coincidence, csets);
12.     else add_new_cset(coincidence, csets);
13.   endif
14. endfor
15. endfor
16. for cset in csets do
17.   expected := compute_expected_match_count(cset);
```

18. observed :=get_observed_match_count(cset);
19. stats :=update_stats(cset, hypoth_test(expected, observed));
20. endfor
21. print_final_stats(cssets, stats);
22. end.

93. データセットのサンプリングの前に、データセットがその行列のサンプリングによってサンプリングされる、対象と属性からなる行列の形で対象および属性を提示させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項37記載の一一致検出プログラム媒体。

94. コンピュータと共に使用するためのプログラム媒体であって、以下を含むプログラム媒体：

請求項37記載のプログラム媒体、および

そのコンピュータと互換性のある保存媒体上に保存されたコンピュータプログラムであって、報告された相関属性によって規定される規則の適用のためにコンピュータを指向させる指示を含むコンピュータプログラム。

95. 少なくとも一つの対象が、被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項37記載のプログラム媒体。

96. 第1に、システム状態が選択された時間量にわたる状態変数の値によって提示されるシステム状態間の移行のデータベースの作成、および各状態から状態への移行の集合が対象の一つに対応し、このため各状態変数がある属性に対応するようなデータセットとしての全体的または部分的なデータベースの提示

のためにコンピュータを指向させる指示をさらに含む、請求項37記載のプログラム媒体。

97. 第1に、選択された時間量にわたる状態および作用のデータベースの作成、および

各状態／作用／状態の3つ組が対象の一つに対応し、このため各状態変数または作用のタイプがある属性に対応するようなデータセットとしての全体的または部分的なデータベースの提示

のためにコンピュータを指向させる指示をさらに含む、請求項37記載のプログラム媒体。

98. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項37記載のプログラム媒体。

99. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項95記載のプログラム媒体。

100. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項95記載のプログラム媒体。

101. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項100記載のプログラム媒体。

102. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項100記載のプログラム媒体。

103. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被験者由來の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項95記載のプログラム媒体。

104. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項103記載のプログラム媒体。

105. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項103記載のプログラム媒体。

106. コンピュータと共に、および、各対象が少なくとも一つの属性を有する対象のデータセットと共に使用するための一一致検出プログラム媒体であって、以下を含むプログラム媒体：

そのコンピュータと互換性のある保存媒体上に保存されたコンピュータプログラムであって、

(1) 各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

(2) データセットのサンプリングの結果に基づく属性一致の検出、

(3) 属性一致の記録、および

(4) 少なくとも一つの記録された属性一致の数と、前述の段階(2)で検出された一致について求められる少なくとも一つの期待される属性一致の数との比較

のためにコンピュータを指向させる指示を含むコンピュータプログラム。

107. (5) 比較の結果に基づく属性一致の報告

のためにコンピュータを指向させる指示をさらに含む、請求項106記載のプログラム媒体。

108. 報告された属性一致によって規定される規則の適用のためにコンピュータを指向させる指示をさらに含む、請求項107記載のプログラム媒体。

109. 指示(5)が、少なくとも一つの相関数値と少なくとも一つのk項数の相関属性とを報告させる指示を含む、請求項107記載のプログラム媒体。

110. 対象およびデータセットの属性が行列で表される、請求項106記載のプログラム媒体。

111. サンプリング用のデータセットへと部分集合を分離させるためにコンピュータを指向させる指示をさらに含む、請求項106記載のプログラム媒体。
112. 対象の複数の部分集合がサンプリングされ、サンプリングされる対象の部分集合のサイズが一定である、請求項106記載のプログラム媒体。
113. 記録された属性一致と期待数との比較が、尾部確率に関するチャーノフ境界を用いて行われる、請求項106記載のプログラム媒体。
114. 指示(3)が、サンプリングされたすべての部分集合にわたって検出された各属性一致の現在の総数を記憶させる指示を含む、請求項106記載のプログラム媒体。
115. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項106記載のプログラム媒体。
116. 少なくとも一つの対象が被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項106記載のプログラム媒体。
117. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項116記載のプログラム媒体。
118. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項116記載のプログラム媒体。
119. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項118記載のプログラム媒体。
120. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項118記載のプログラム媒体。
121. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された単一の被験者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項116記載のプログラム媒体。
122. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項121記載のプログラム媒体。
123. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項121記載のプログラム媒体。
124. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および、特定の薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項106記載のプログラム媒体。
125. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項106記載のプログラム媒体。

126. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項106記載のプログラム媒体。

127. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項106記載のプログラム媒体。

128. 観測数と期待数を比較させる指示が、尾部確率に関するチャーノフ境界を用いる、請求項38記載のシステム。

129. 数を記録させる指示が、すべてのサンプリングされた部分集合における各一致の現在の総数を保存させる指示を含む、請求項38記載のシステム。

130. コンピュータプログラムが以下の疑似コードによって表現される指示を含む、請求項38記載のシステム：

```
0. begin
1. read (MATRIX);
2. read (R, T);
3. compute_first_order_marginals(MATRIX);
4. csets := {};
5. for iter = 1 to T do
6.   sampled_rows := rsample(R, MATRIX);
7.   attributes := get_attributes(sampled_rows);
8.   all_coincidences := find_all_coincidences(attributes);
9.   for coincidence in all_coincidences do
10.     if cset_already_exists(coincidence, csets)
11.       then update_cset(coincidence, csets);
12.     else add_new_cset(coincidence, csets);
13.   endif
14. endfor
15. endfor
16. for cset in csets do
17.   expected := compute_expected_match_count(cset);
18.   observed := get_observed_match_count(cset);
19.   stats := update_stats(cset, hypoth_test(expected, observed));
20. endfor
21. print_final_stats(csets, stats);
22. end.
```

131. データセットのサンプリングの前に、データセットがその行列のサンプリ

ングによってサンプリングされる、対象と属性からなる行列の形で対象および属性を提示させるためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項38記載のシステム。

132. 請求項38記載のシステム、および

報告された相関属性によって規定される規則の適用のためにコンピュータを指向させる指示を有するコンピュータプログラムを含む、コンピュータと互換性のあるプログラム媒体を含む、システム。

133. 少なくとも一つの対象が、被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項38記載のシステム。

134. 第1に、システム状態が選択された時間量にわたる状態変数の値によって提示されるシステム状態間の移行のデータベースの作成、および各状態から状態への移行の集合が対象の一つに対応し、このため各状態変数がある属性に対応するようなデータセットとしての全体的または部分的なデータベースの提示

のためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項38記載のシステム。

135. 第1に、選択された時間量にわたる状態および作用のデータベースの作成、および

各状態／作用／状態の3つ組が対象の一つに対応し、このため各状態変数または作用のタイプがある属性に対応するようなデータセットとしての全体的または部分的なデータベースの提示

のためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項38記載のシステム。

136. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項38記載のシステム。

137. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項133記載のシステム。

138. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項133記載のシステム。

139. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項138記載のシステム。

140. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項138記載のシステム。

141. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された单一の被験者由来の生

物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項133記載のシステム。

142. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項141記載のシステム。

143. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項141記載のシステム。

144. 各対象が少なくとも一つの属性を有する対象のデータセットと共に使用するための一一致検出システムであって、以下を含むシステム：

コンピュータ；ならびに

そのコンピュータと互換性のある保存媒体上に保存されたコンピュータプログラムであって、

(1) 各反復でデータセットのサンプリングされた部分集合が各対象に関して属性の同じ部分集合を有する、複数の反復にわたるデータセットの様々な部分集合のサンプリング、

(2) データセットのサンプリングの結果に基づく属性一致の検出、

(3) 属性一致の記録、および

(4) 少なくとも一つの記録された属性一致の数と、前述の段階(2)で検出された一致について求められる少なくとも一つの期待される属性一致の数との比較

のためにコンピュータを指向させる指示を含むコンピュータプログラム。

145. (5) 比較の結果に基づく属性一致の報告

のためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項144記載のシステム。

146. 報告された属性一致によって規定される規則の適用のためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項145記載のシステム。

147. 指示(5)が、少なくとも一つの相関数値と少なくとも一つのk項数の相関属性とを報告させる指示をさらに含む、請求項145記載のシステム。

148. 対象およびデータセットの属性が行列で表される、請求項144記載のシステム。

149. サンプリング用のデータセットへと部分集合を分離させるためにコンピュータを指向させる指示をコンピュータプログラムがさらに含む、請求項144記載のシステム。

150. 対象の複数の部分集合がサンプリングされ、サンプリングされる対象の部分集合のサイズが一定である、請求項144記載のシステム。

151. 記録された属性一致と期待数とを比較させる指示が、尾部確率に関するチ

ヤーノフ境界を用いる、請求項144記載のシステム。

152. 指示(3)が、サンプリングされたすべての部分集合にわたって検出された各属性一致の現在の総数を記憶させる指示をさらに含む、請求項144記載のシステム。

153. 複数の反復があらかじめ決定された数の反復である、請求項144記載のシステム。

154. 少なくとも一つの対象が被検者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子または遺伝子産物の生物的パラメータに相当する、請求項144記載のシステム。

155. 少なくとも一つの属性が表現型局面に相当する、請求項154記載のシステム。

156. 少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項154記載のシステム。

157. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項156記載のシステム。

158. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項156記載のシステム。

159. 少なくともいくつかの対象が、経時的に採取された単一の被験者由来の生物的試料に相当し、少なくとも一つの属性が遺伝子の発現に相当する、請求項154記載のシステム。

160. 少なくとも一つの遺伝子の発現がmRNAによって測定される、請求項159記載のシステム。

161. 少なくとも一つの遺伝子の発現がタンパク質産物によって測定される、請求項159記載のシステム。

162. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および、特定の薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項144記載のシステム。

163. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を投与した後の特定の薬物副作用の存在に相当する、請求項144記載のシステム。

164. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項144記載のシステム。

165. 少なくとも一つの対象が被検者に相当し、少なくともいくつかの属性が、被検者の遺伝子または遺伝子発現パターンに、および特定の組合せの薬物を用いた治療に対する被検者の反応に相当する、請求項144記載のシステム。

1/18

図 1a

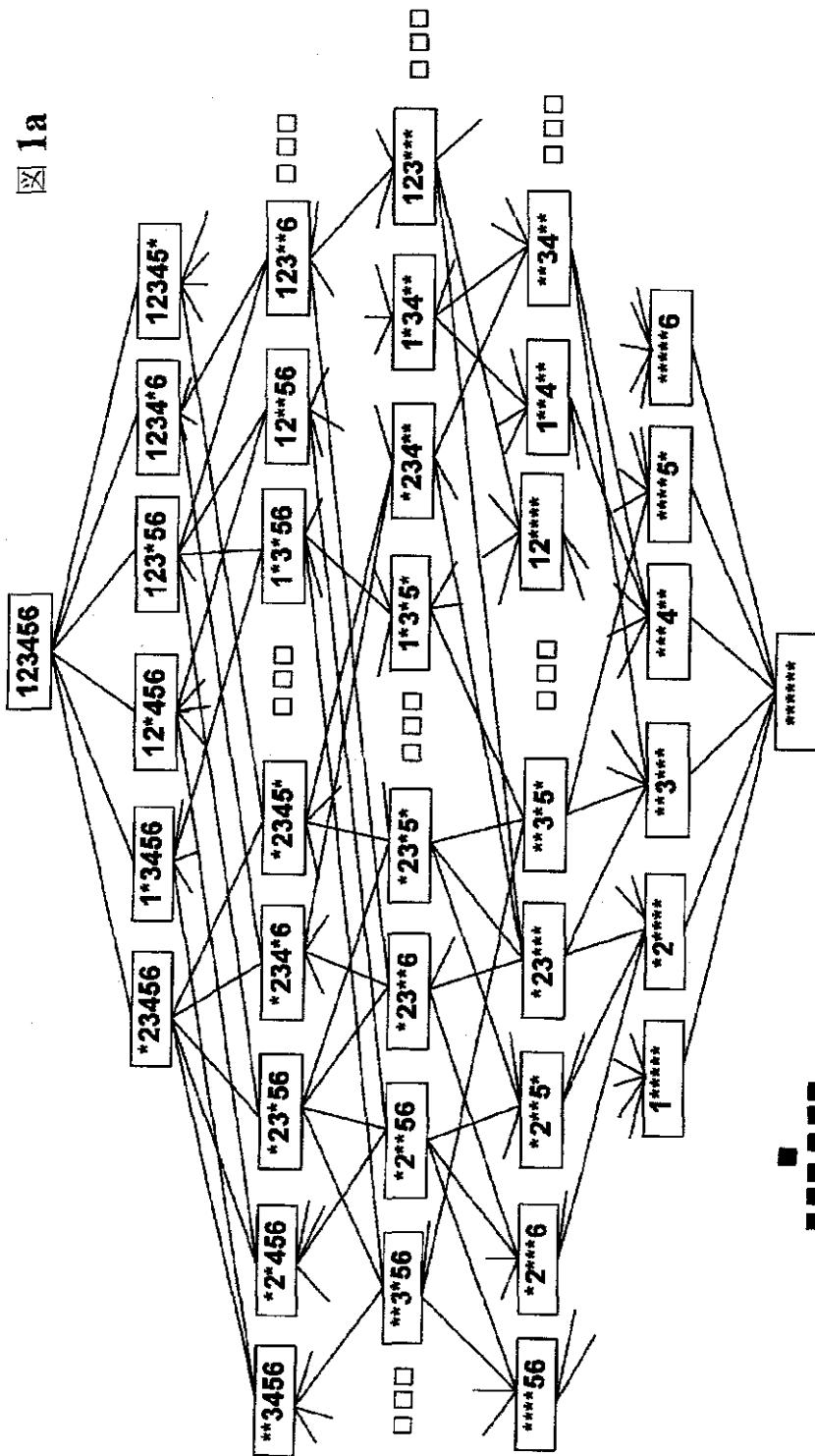
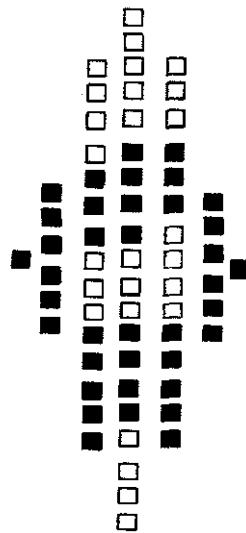


図 1b



2/18

図 2a

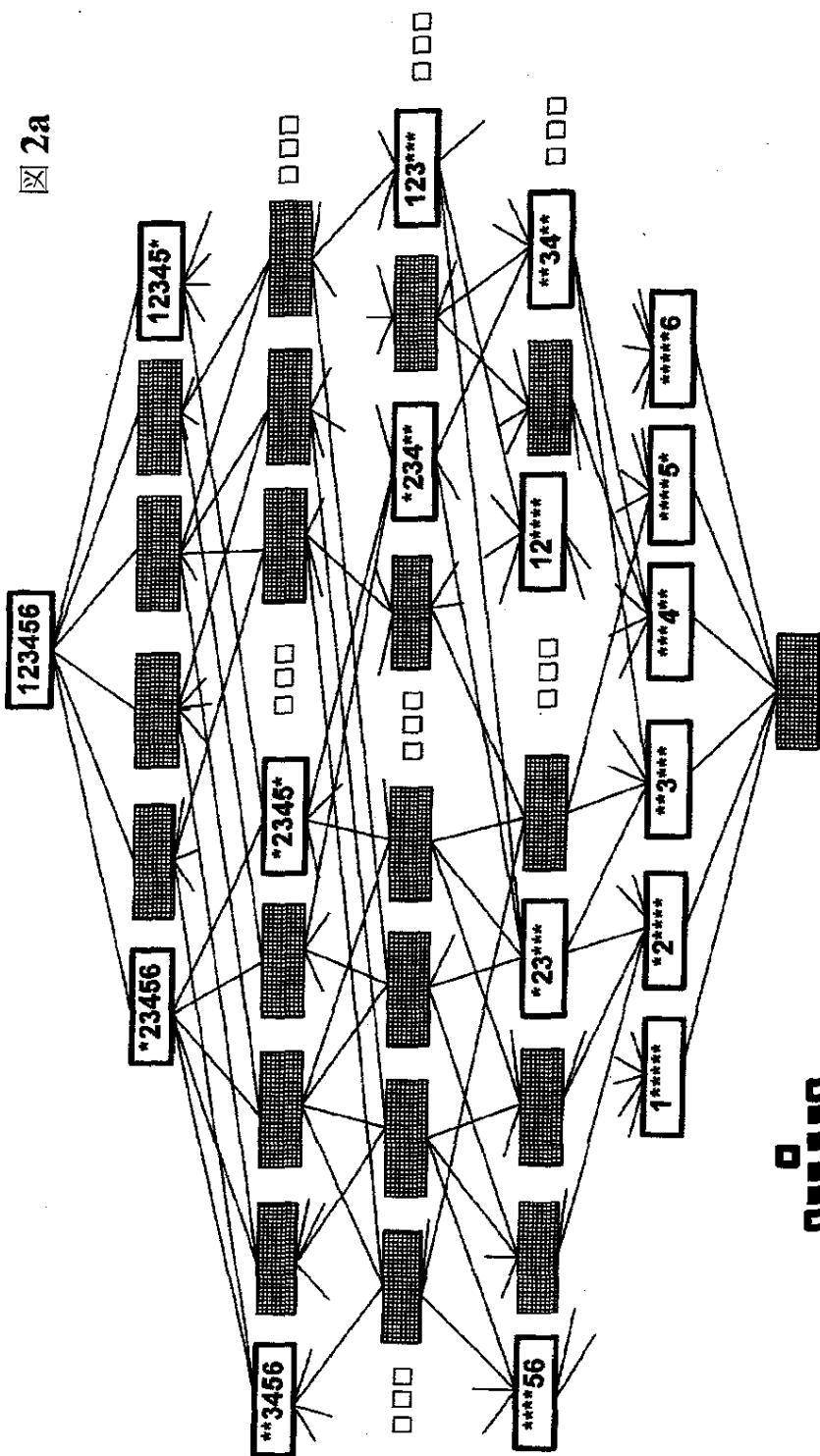
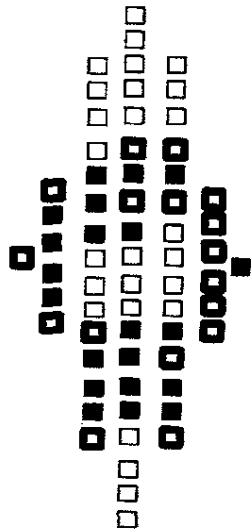
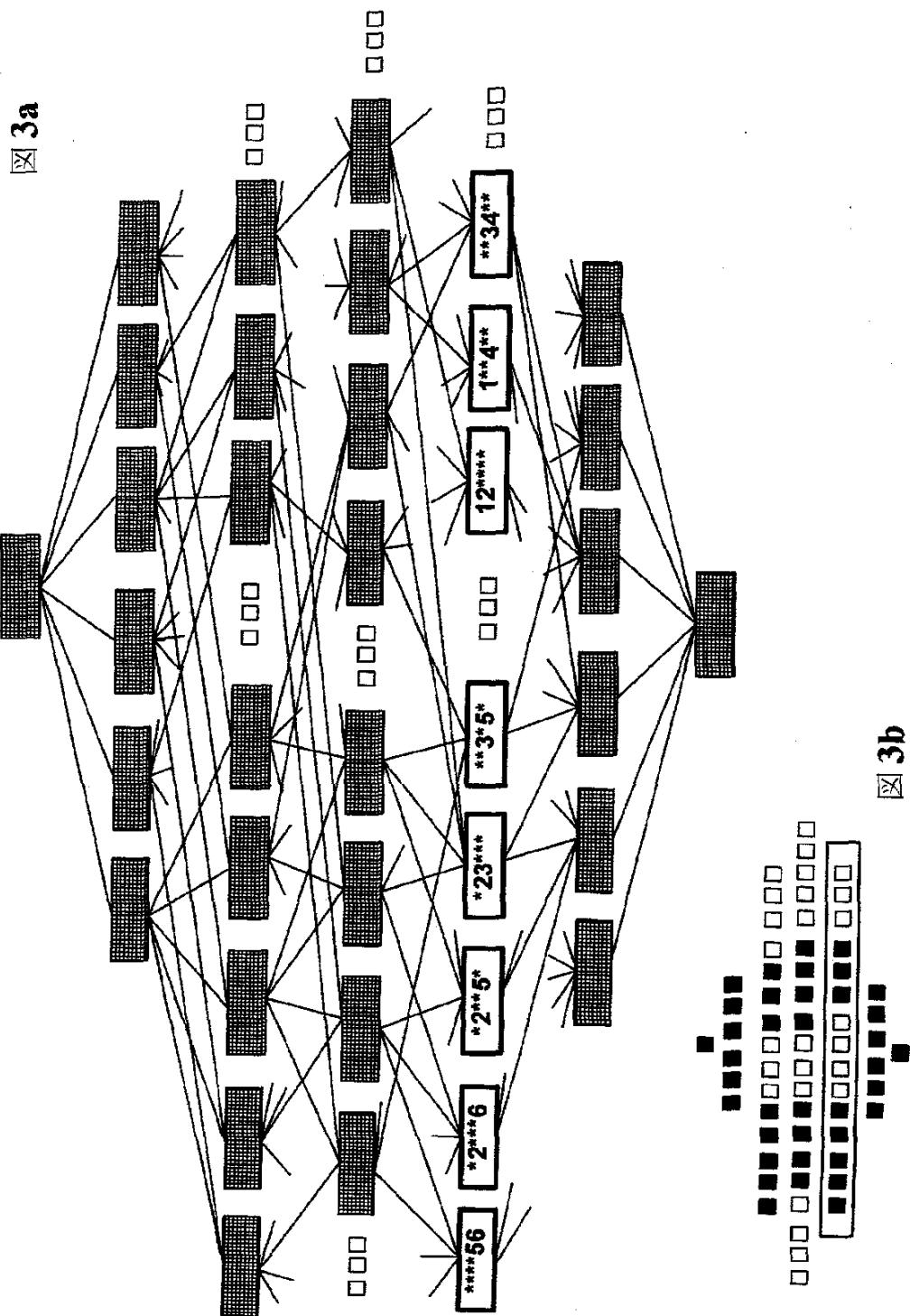


図 2b



3/18



4/18

図 4a

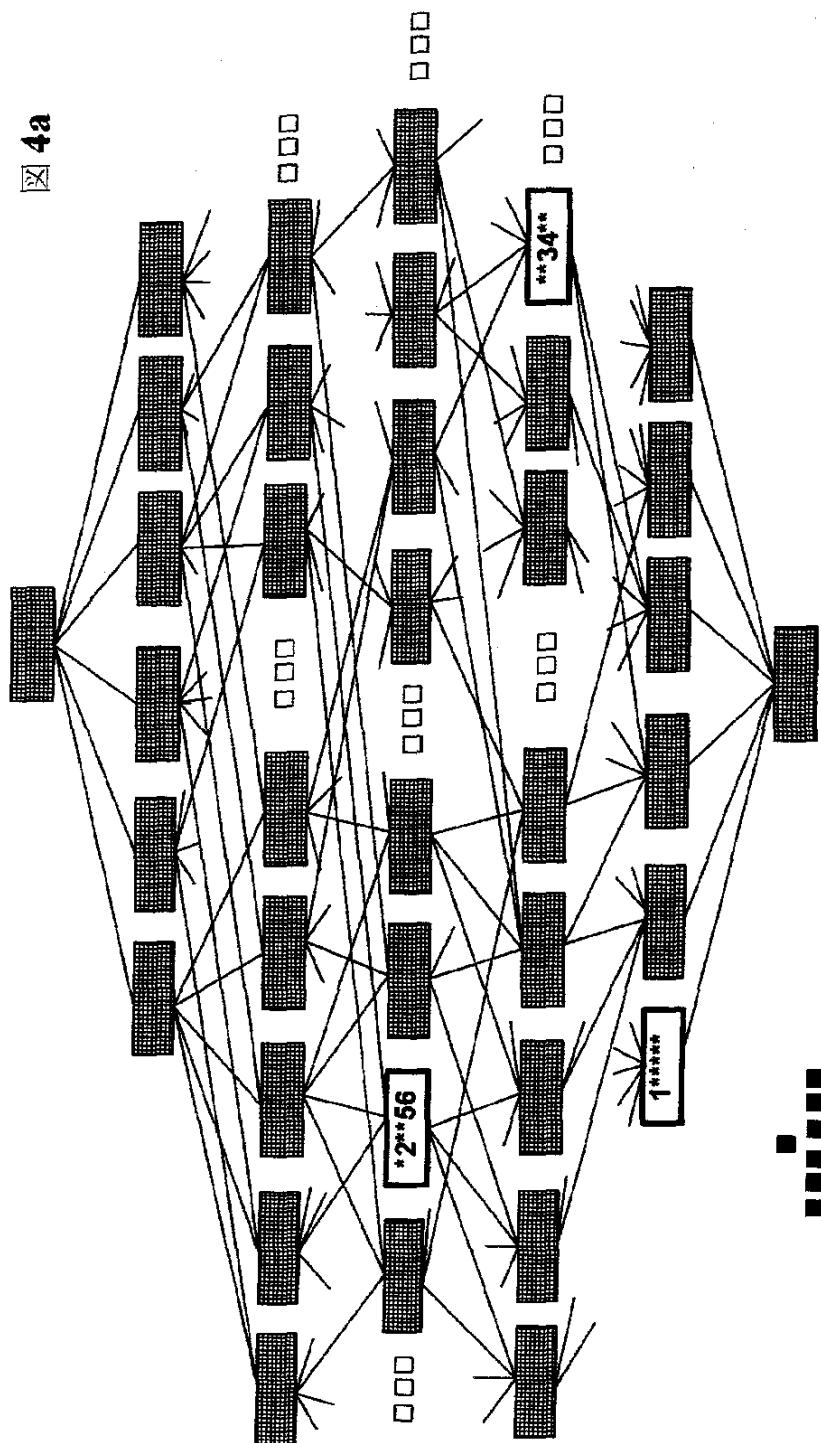
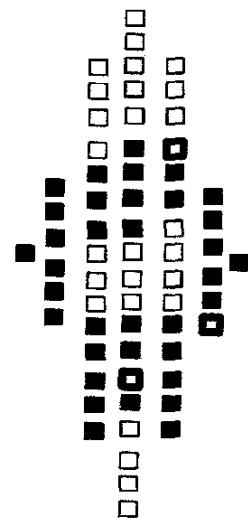


図 4b



5/18

①	A B C D E F
2	W U C V E G
3	Z L C M W M
4	V U C V A G
⑤	A B C D Z Z
⑥	W L C M E Z

行	1	A	B	C	D	E	F
	5	A	B	C	D	Z	Z
	6	W	L	C	M	E	Z

156

001	W@c1, L@c2, M@c4
010	Z@c5
011	Z@c6
100	F@c6
101	E@c5
110	A@c1, B@c2, D@c4
111	C@c3

1	A B C D E F
2	W U C V E G
3	Z L C M W M
4	V U C V A G
5	A B C D Z Z
6	W L C M E Z

行	2	W	U	C	V	E	G
	4	V	U	C	V	A	G
	6	W	L	C	M	E	Z

246

001	L@c2, M@c4, Z@c6
010	V@c1, A@c5
101	W@c1, E@c5
110	U@c2, V@c4, G@c6
111	C@c3

1	A B C D E F
2	W U C V E G
3	Z L C M W M
4	V U C V A G
5	A B C D Z Z
6	W L C M E Z

行	1	A	B	C	D	E	F
	3	Z	L	C	M	W	M
	6	W	L	C	M	E	Z

136

001	W@c1, Z@c6
010	Z@c1, W@c5, M@c6
011	L@c2, M@c4
100	A@c1, B@c2, D@c4, F@c6
101	E@c5
111	C@c3

図 5a

6/18

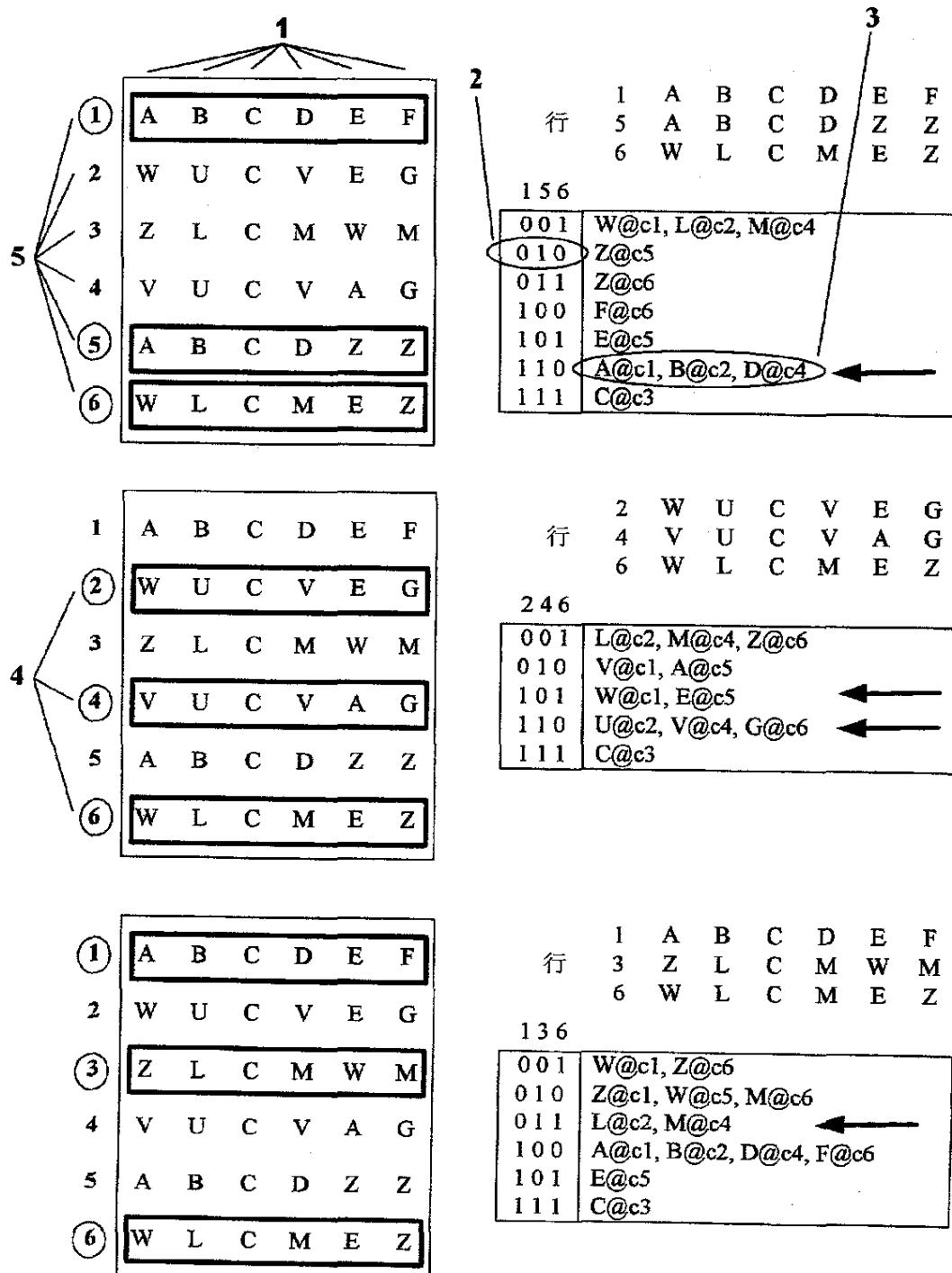


図 5b

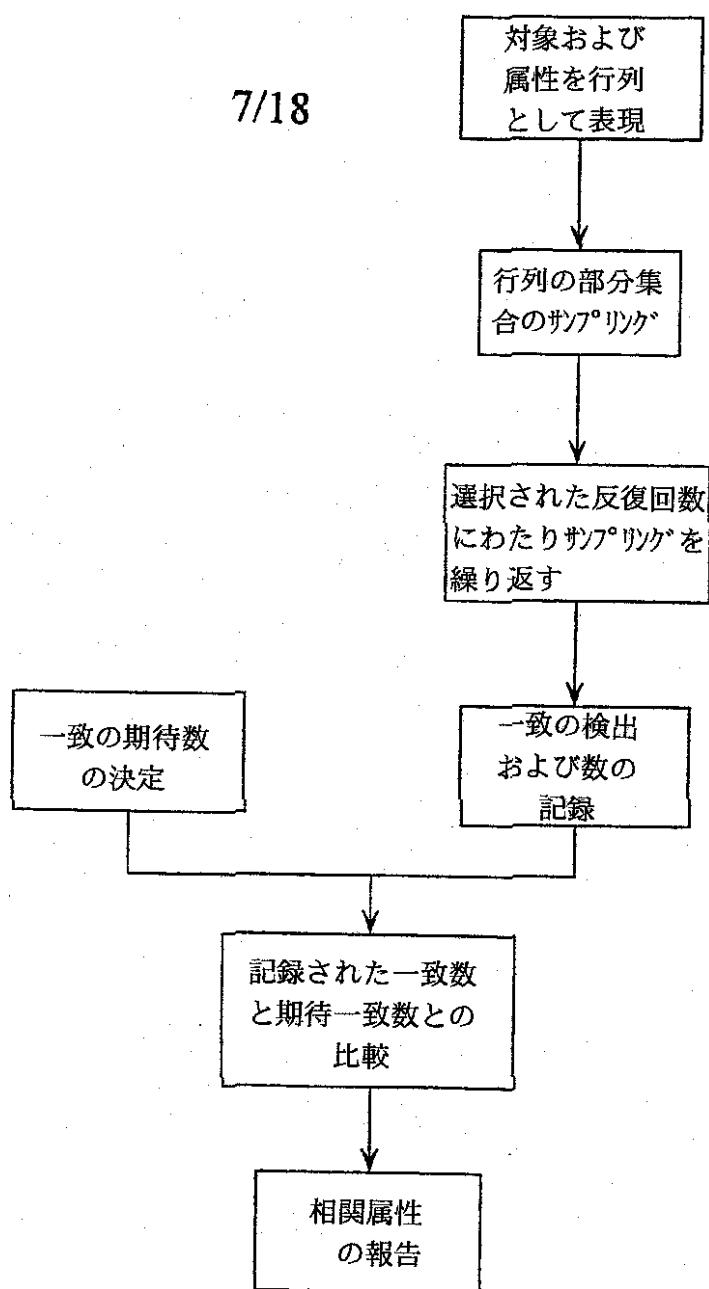
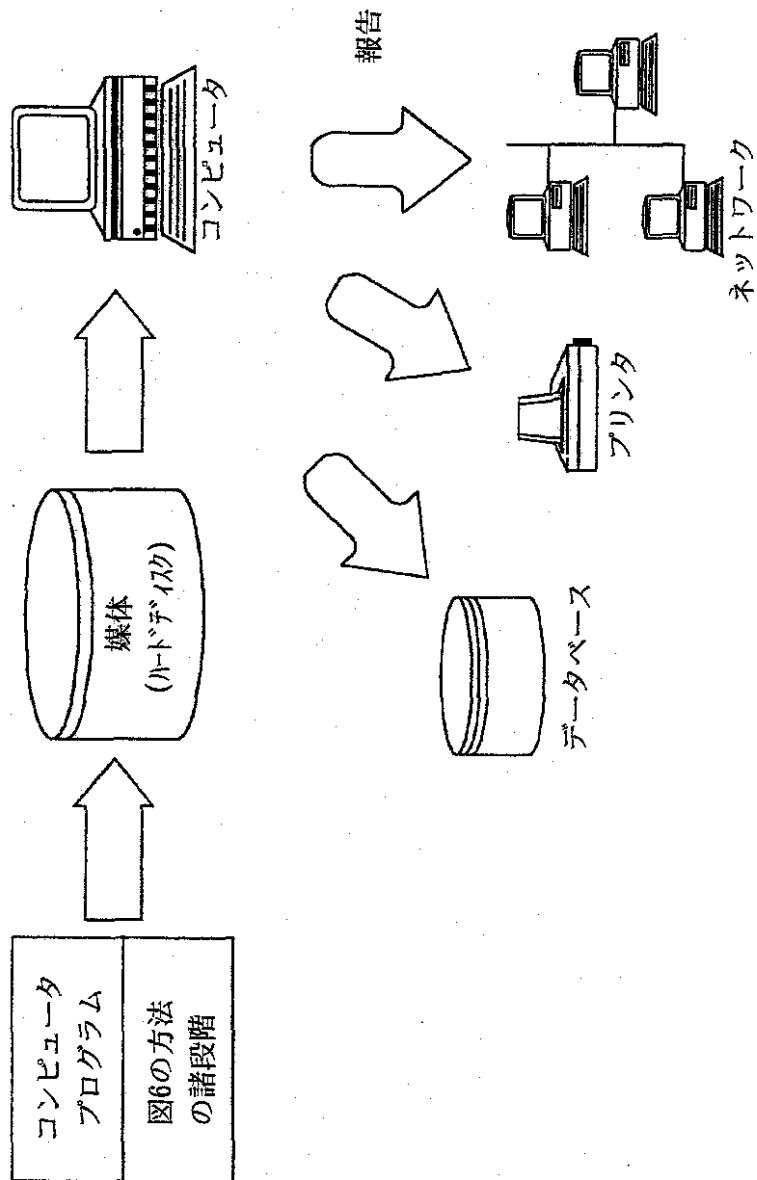


図 6

8/18

図7



9/18

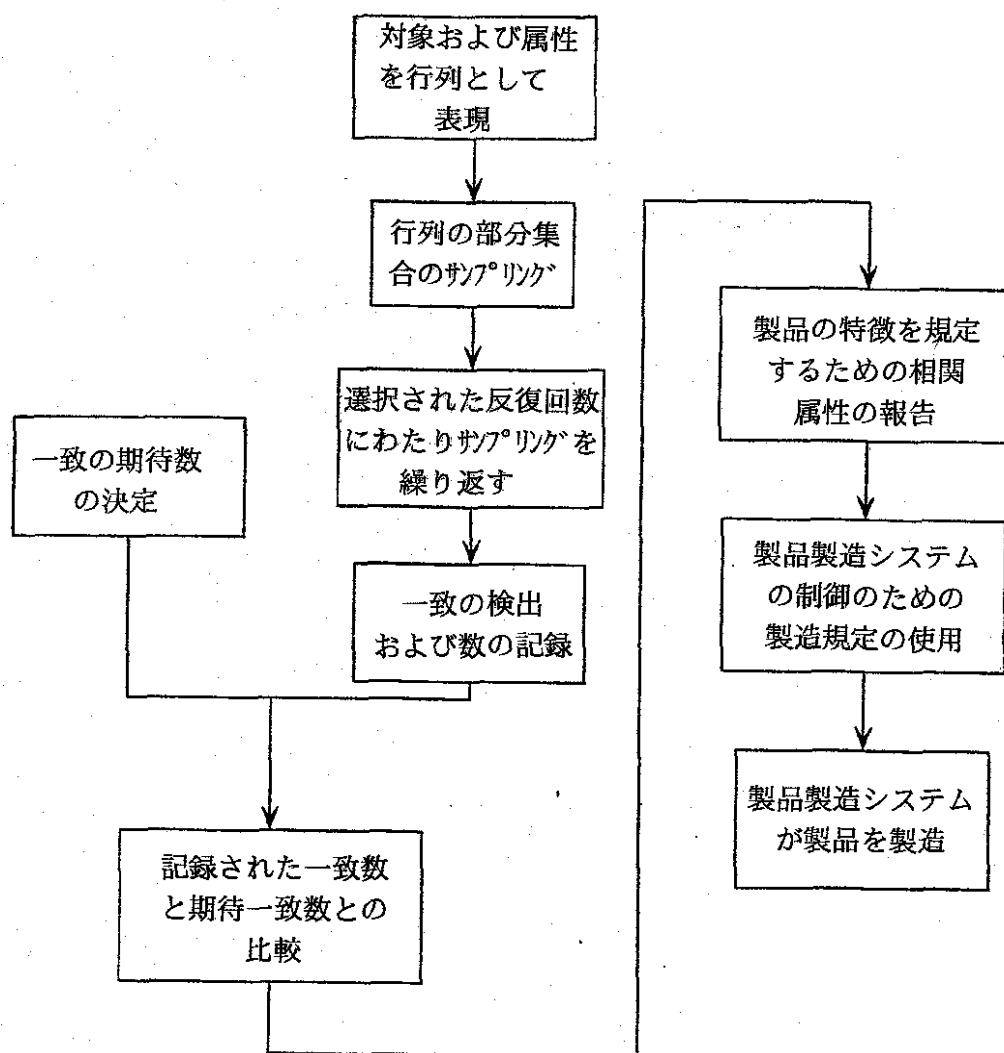
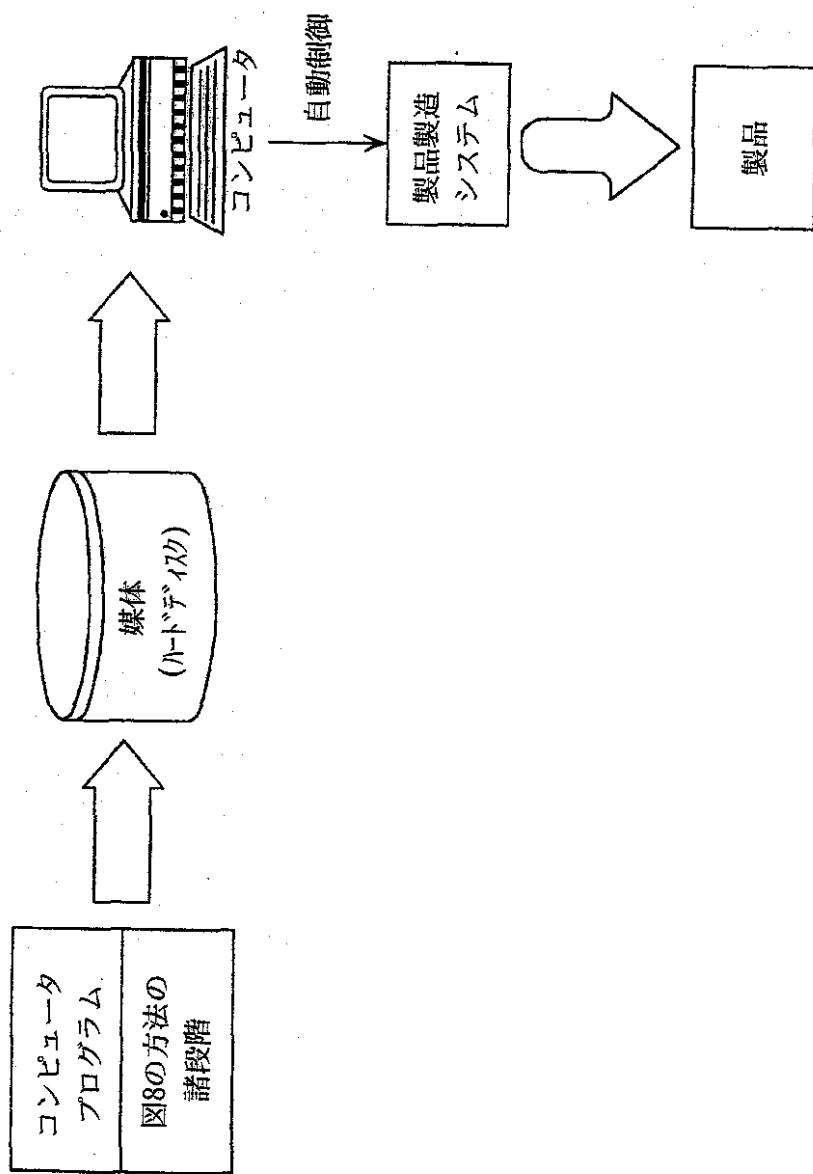


図8

10/18

図9



11/18

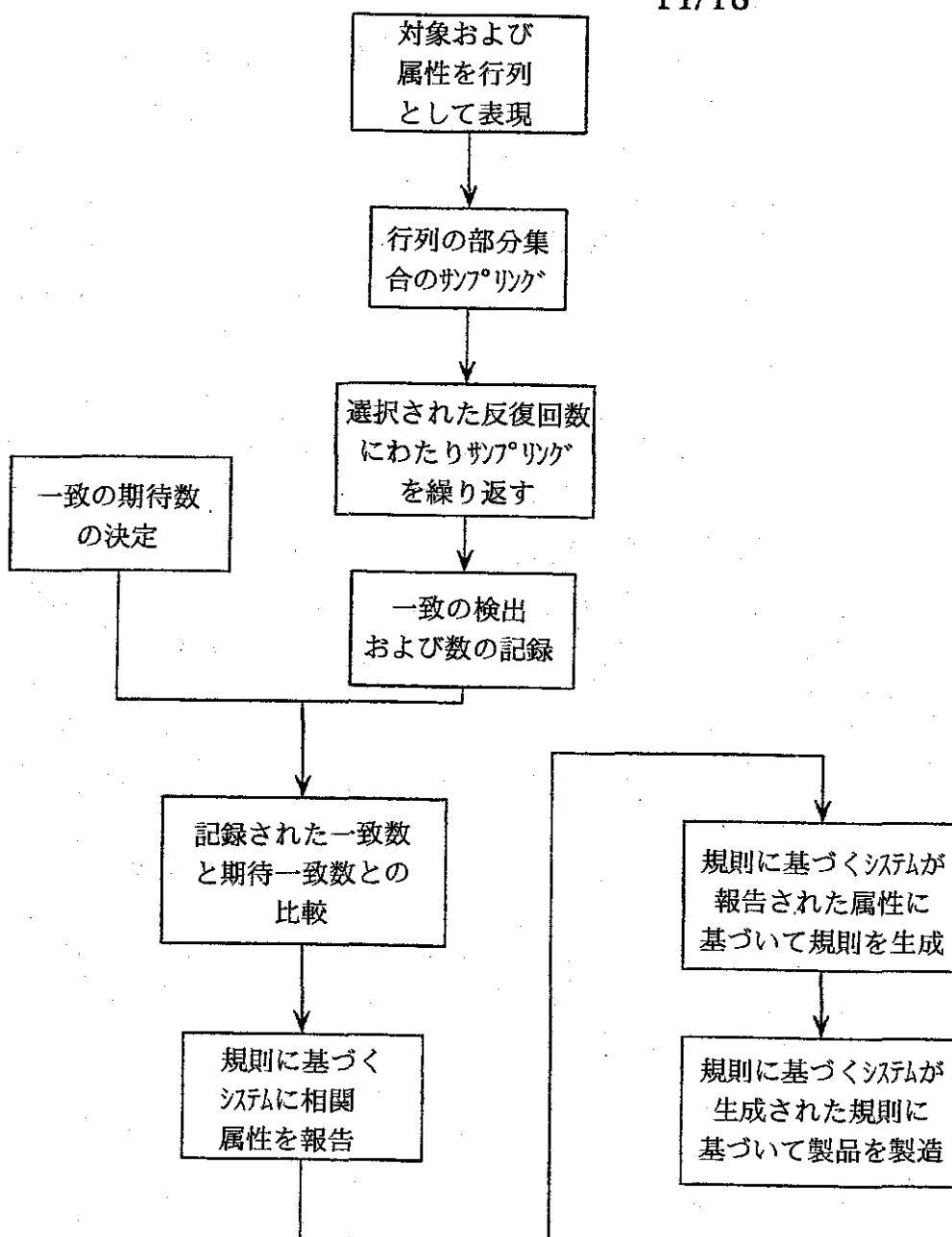


図10

12/18

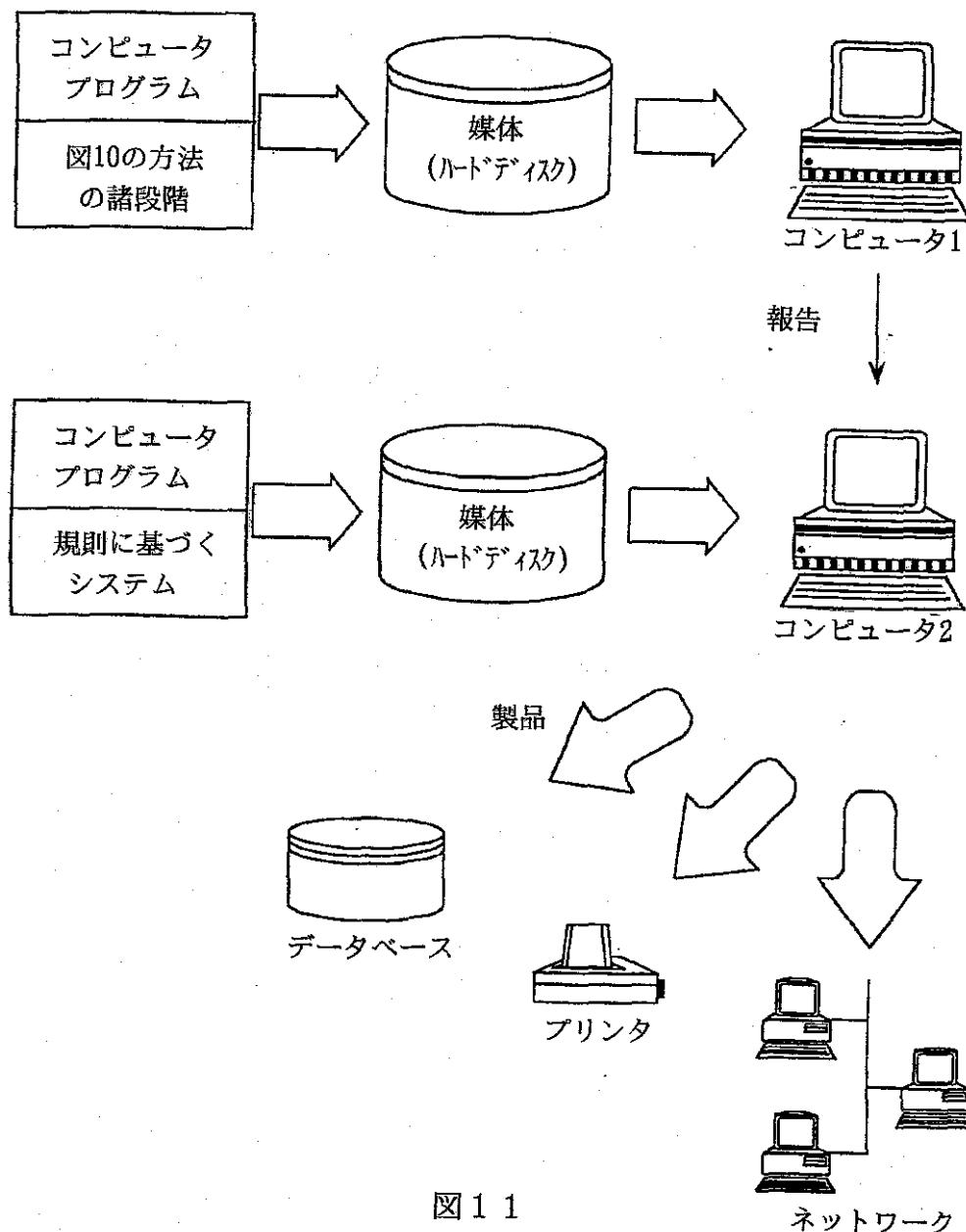


図11

13/18

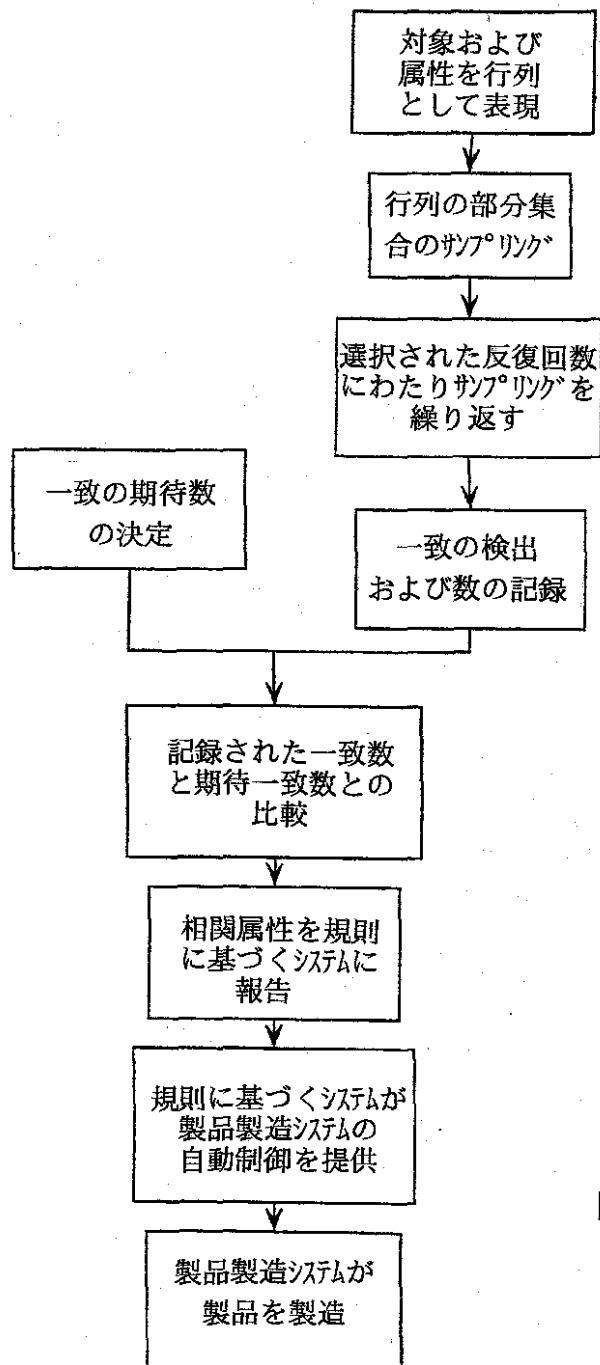


図12

14/18

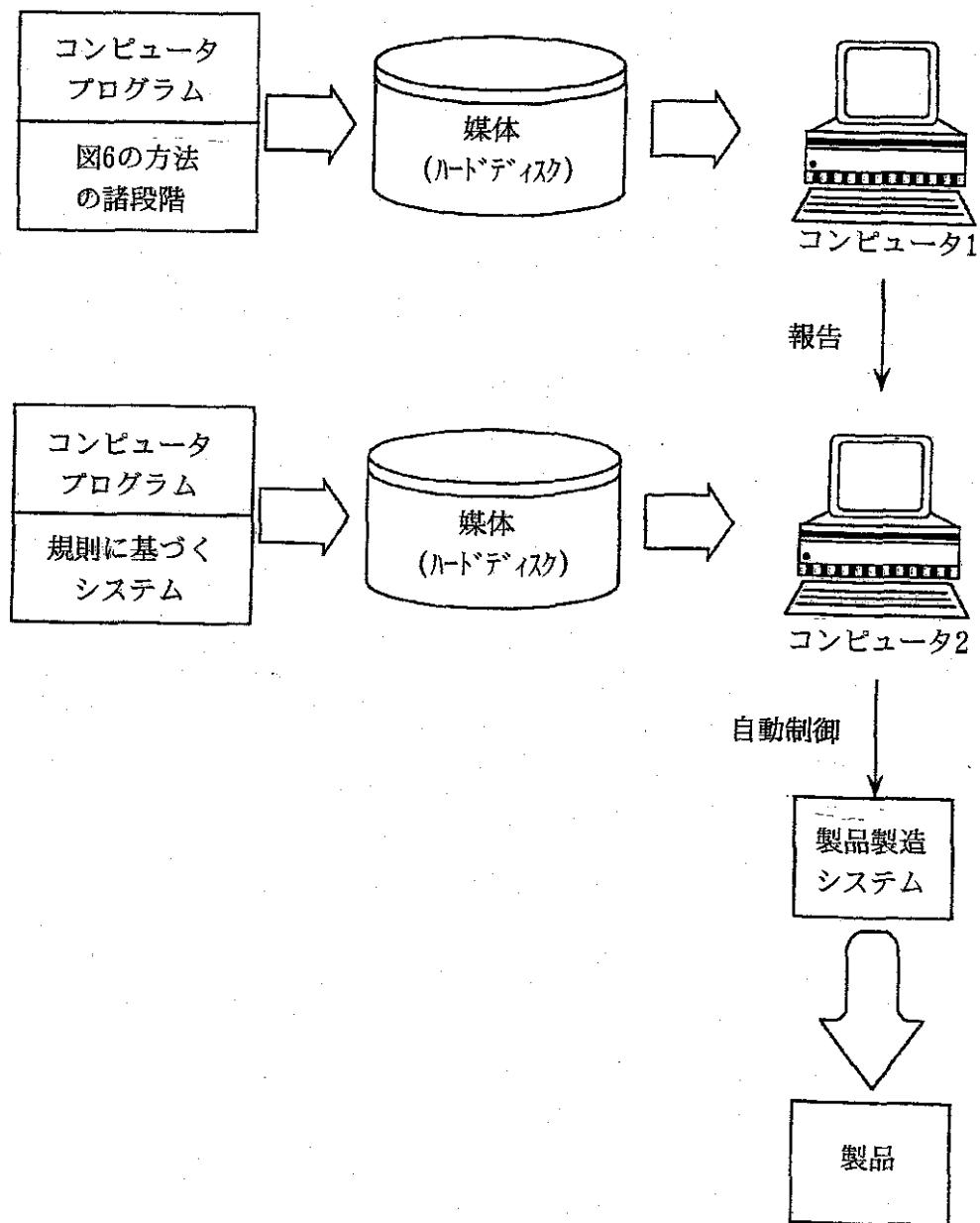


図13

15/18

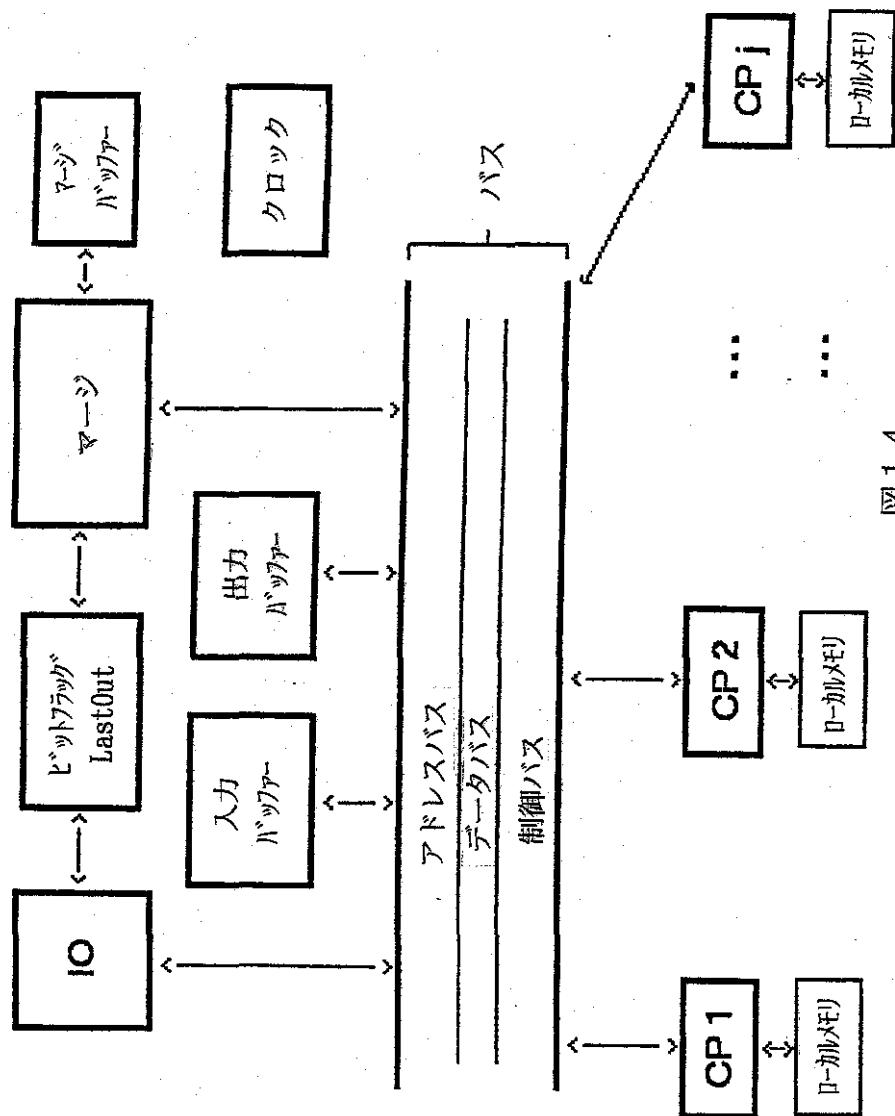


図 14

16/18

残基	1	2	...	i	...	j	...
配列							
1	I	L		W		G	
2	S	C		G		W	
3	L	C	...	Y	...	A	...
4	A	P		W		G	
5	S	A		Y		A	
6	R	R		G		Y	
•	•	•		•		•	
•	•	•		•		•	
•	•	•		•		•	
M-1	C	P	...	W		G	
M	L	I	...	A	...	Y	...

整列化された
相同配列の
ファミリー

大きな側鎖⇒小さな側鎖

小さな側鎖⇒大きな側鎖

図 15a

17/18

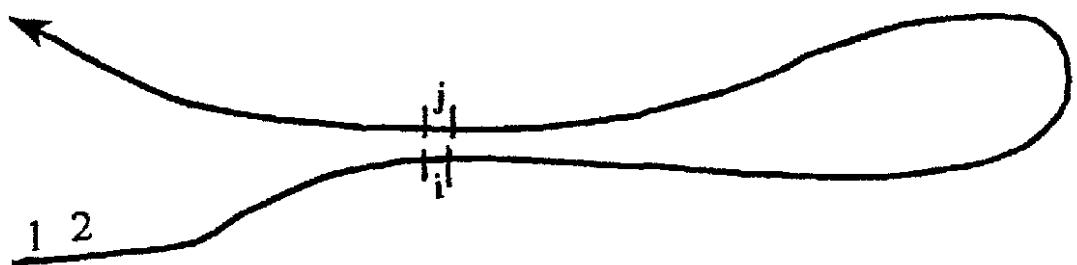


図 15b

18/18

図16

