

【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29年8月17日 (2017.8.17)

【公開番号】特開2017-84383(P2017-84383A)

【公開日】平成29年5月18日 (2017.5.18)

【年通号数】公開・登録公報2017-018

【出願番号】特願2016-240912(P2016-240912)

【国際特許分類】

G 0 6 F 19/12 (2011.01)

C 1 2 M 1/00 (2006.01)

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)

【F I】

G 0 6 F 19/12

C 1 2 M 1/00 A

C 1 2 Q 1/68 A

【手続補正書】

【提出日】平成29年7月4日 (2017.7.4)

【手続補正 1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

生物系のネットワークモデルを特徴付けるためのコンピュータ化された方法であって、ネットワークモデルを識別することであって、前記ネットワークモデルは、前記生物系を表し、前記ネットワークモデルは、複数の生物学的実体を表す複数のノードと、複数のノードの間の関係を表す複数のエッジとを含む、ことと、

プロセッサで、作用物質に対する前記生物系の応答に対応する一組の処置データと一組の制御データとを受け取ることと、

前記複数のノードのサブセットに対する前記処置データと前記制御データとの間の差を決定することと、

前記差から、各それぞれのエッジに対して、遷移確率を決定することであって、前記遷移確率は、前記それぞれのエッジによって接続された、対応する第 1 のノードから対応する第 2 のノードへの遷移の尤度を表す、ことと、

前記対応するノードへのランダムウォークの予想される訪問の回数を決定することによって、対応するノードに対する遷移確率から、前記対応するノードに対する中心度値を取得することと

を含む、方法。

【請求項 2】

前記差は、前記複数のノードの活性が前記生物系に対する前記作用物質の攪乱によって影響を受ける程度を表し、前記中心度値は、前記ネットワークにおける前記対応するノードの相対的な重要度を表す、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

前記複数のノードに対する攪乱指標を決定することをさらに含み、前記攪乱指標は、前記処置データと前記制御データとの間の前記差を表し、前記複数のエッジに対する遷移確率は、前記攪乱指標から決定される、請求項 1 ～ 2 のいずれかに記載の方法。

【請求項 4】

前記遷移確率は、前記攪乱指標の一次関数である、請求項 3 に記載の方法。

【請求項 5】

特定のノードに対する少なくとも 1 つの攪乱指標は、前記特定のノードから下流のノードの測定された活性の一次結合として計算される、請求項 3 ~ 4 のいずれかに記載の方法。

【請求項 6】

定常状態において前記生物学的実体を表すノードへのランダムウォークの訪問の確率を表す平衡確率を、前記生物学的実体を表すノードに対して決定することをさらに含む、請求項 1 ~ 5 のいずれかに記載の方法。

【請求項 7】

前記中心度値は、前記平衡確率に基づいて計算される、請求項 6 に記載の方法。

【請求項 8】

前記差は、前記複数のノードのサブセットにおける対応するノードでの前記処置データと前記制御データとの間の倍率変化値である、請求項 1 ~ 7 のいずれかに記載の方法。

【請求項 9】

第 2 のノードに対する前記処置データと前記制御データとの間の差に関する第 1 のノードに対する中心度値の偏導関数を計算することをさらに含み、前記偏導関数は、前記ネットワークモデルに対するトポロジースケールを表す、請求項 1 ~ 8 のいずれかに記載の方法。

【請求項 10】

前記偏導関数を計算することは、前記第 1 のノードの中心度値の変化に及ぼす第 2 のノードに対する前記処置データと前記制御データとの間の差の変化の影響を決定することを含む、請求項 9 に記載の方法。

【請求項 11】

前記遷移確率は、前記対応する第 1 のノードから出て行くエッジの数に基づいて決定される、請求項 1 ~ 10 のいずれかに記載の方法。

【請求項 12】

前記遷移確率は、前記対応する第 2 のノードが、前記複数のノードのサブセット内のいずれかのノードに直接的に接続されているかどうかに基づいて決定される、請求項 1 ~ 11 のいずれかに記載の方法。

【請求項 13】

前記対応する第 2 のノードは、前記複数のノードのサブセット内のいずれのノードにも直接的に接続されておらず、前記遷移確率は、前記対応する第 1 のノードから出て行くエッジの数によって除算された数に比例する、請求項 12 に記載の方法。

【請求項 14】

前記対応する第 2 のノードが、前記複数のノードのサブセット内の少なくとも 1 つのノードに直接的に接続されている場合、前記遷移確率は、付加的な因子と増幅された攪乱指標との間の合計に比例し、前記対応する第 1 のノードから出て行くエッジの数によって正規化され、前記増幅された攪乱指標は、前記対応する第 2 のノードにおける前記処置データと前記制御データとの間の増幅された差を表す、請求項 12 ~ 13 のいずれかに記載の方法。

【請求項 15】

スペクトル変換ベクトル上への中心度値の射影を、前記中心度値と、前記ネットワークモデルに対する攪乱の影響を表す前記ネットワークモデルとに基づいて、決定することをさらに含む、請求項 1 ~ 14 のいずれかに記載の方法。

【請求項 16】

前記中心度値の射影を決定することは、前記中心度値をフィルタリングすることを含む、請求項 15 に記載の方法。

【請求項 17】

前記生物系の攪乱を表す前記ネットワークモデルに対するスコアを生成するために前記

中心度値を収集することをさらに含む、請求項 1 ~ 16 のいずれかに記載の方法。

【請求項 18】

前記スコアは、スカラー値である、請求項 17 に記載の方法。

【請求項 19】

前記中心度値を収集することは、前記中心度値の一次結合を計算することを含む、請求項 17 ~ 18 のいずれかに記載の方法。

【請求項 20】

前記中心度値を収集することは、前記中心度値のスペクトル変換の一次結合を計算することを含む、請求項 17 ~ 19 のいずれかに記載の方法。