

# 由多重組學，多疾病數據推論分子變異間階層式連結的邏輯步驟

## 本院覽號

06A-1100423

## 公告日期

## 智財權狀態

美國臨時案已申請

## 摘要

此發明中，我們開發了一種資料整合的方法，用以推論DNA，mRNA上的分子變異與表現型差異之連結關係。此方法將連結關係組織為階層式結構，並整合了生物分子網路知識與統計模型選擇，來推論階層式連結關係。現有基因體資料整合方法及集中於垂直（多重組學）或水平（多疾病）整合，且未建立階層式結構。我們的方法結合了這些優點而對資料做綜合性分析。

## 技術優勢

1. 同時進行垂直與水平資料整合。
2. 結合分子生物網路與統計模型。
3. 系統性以外部資料驗證推論出的關連。
4. 能應用於各種疾病的資料。

## 應用範圍

1. DNA分子變異與基因表現在同一組病人（疾病）中之關連。
2. 此種關連是否出現於多組病人（疾病）或只出現於單組病人（疾病）。
3. 階層式連結的組合模式與表現型差異的關連。

## 創作人

楊振翔



中央研究院  
ACADEMIA SINICA