

시간 기반 마이크로어레이에서 스케일링 및 쉬프팅 패턴을 찾는 새로운 방법

A Novel Method for Finding Scaling-and-Shifting patterns in Time-based Microarray

이동현(Dong-Hyun Lee)¹, 안재균(Jae-Gyoon Ahn)¹, 윤영미(Young-Mi Yoon)^{1,2}, 노홍찬(Hong-Chan Roh)¹, 박상현(Sang-Hyun Park)³

요약

시간 기반 마이크로어레이 데이터는 유전자 집합의 발현 정도를 일정한 시간 간격으로 측정하여 수치화한 마이크로어레이 데이터를 뜻한다. 시간 기반 마이크로어레이 데이터를 기반으로 다른 유전자 집합을 활성(activation)화시키거나 억제(inhibition)시키는 유전자 집합을 찾아냄으로써, 유전자 기능 네트워크를 효과적으로 구축 할 수 있다. 본 논문에서는 유전자의 증감 값을 특정 구간에 대하여 표준화하고 이를 통해 클러스터링과 클러스터 간 관계 도출을 동시에 해결 할 수 있는 알고리즘인 PRCluster (Past Relative Cluster)방법을 제시한다. PRCluster를 검증하기 위해 효모 유전자의 시간 기반 마이크로어레이에서 클러스터를 생성 하고 이 클러스터를 바탕으로 활성 관계 또는 억제 관계를 도출하였다. 실험 결과 찾아낸 클러스터 내 두 객체 간에는 선형적인 함수 관계가 있었다. 또한 마이크로어레이 데이터에 존재하는 오차를 허용함과 동시에 적절한 유사도를 지닌 클러스터 간 활성 혹은 억제 관계를 도출 함을 확인할 수 있었다.

주제어: 마이크로어레이 분석, 클러스터링, 데이터 마이닝, 유전자 기능 네트워크

Abstract

Time-based microarray data is gene expression data generated by measuring the expression value of genes having a certain time span. By means of finding the gene set which activates or inhibits another gene set, the gene function network can be discovered. In this paper, we propose the PR cluster method that clusters the set of genes and mines relations between the found clusters by standardizing gene expression and observing the overall pattern. To verify the PR cluster algorithm, we conducted experiments using time-based yeast microarray data. The experimental results demonstrated that the PR cluster algorithm finds clusters in each of which any two objects have a linear functional relation. Also the experimental results show that the PR cluster algorithm can figure out the relation between clusters with proper similarity and can handle the noise that exists in the microarray data.

Key Words: Microarray analysis, Clustering, Data mining, Gene function network

이 논문은 2008년도 정부(과학기술부)의 재원으로 한국과학재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. R01-2006-000-11106-0).

¹ 연세대학교 컴퓨터과학과

² 가천의과학대학교 IT학과

³ 연세대학교 컴퓨터과학과 교수, 교신저자

⁺ 논문접수: 2008년 8월 13일, 심사완료: 2008년 10월 9일