04/12/02
10020080133

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

162162

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局

(43) 国際公開日
2002 年1 月3 日 (03.01.2002)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 02/01477 A1

(51) 国際特許分類[7]: G06F 19/00, C12N 15/00

(21) 国際出願番号: PCT/JP01/04697

(22) 国際出願日: 2001 年6 月4 日 (04.06.2001)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2000-193680 2000 年6 月28 日 (28.06.2000) JP
特願2001-024990 2001 年2 月1 日 (01.02.2001) JP

(71) 出願人 および
(72) 発明者: 小西智一 (KONISHI, Tomokazu) [JP/JP]; 〒010-0877 秋田県秋田市千秋矢留町県公舎7-34 5号室 Akita (JP).

(74) 代理人: 弁理士 窪田英一郎, 外(KUBOTA, Eiichiro et al.); 〒107-0052 東京都港区赤坂2丁目21番8号 赤坂山田ビル1階 Tokyo (JP).

(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

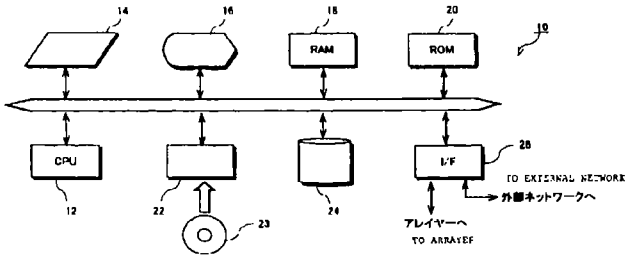
(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 国際調査報告書

２文字コード及び他の略語については、定期発行される各*PCT*ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(54) **Title:** METHOD FOR PROCESSING GENE EXPRESSION DATA, AND PROCESSING PROGRAMS

(54) 発明の名称: 遺伝子発現データの処理方法および処理プログラム



(57) **Abstract:** A background computing unit (32) of an analysis device (10) computes such a background value that a normal probability graph based on a cumulative frequency ratio of a subtracted value obtained by subtracting a background value from the individual values indicating the signal intensities of spots arranged on a DNA chip may have a predetermined linearity. A logarithmic conversion value of a corrected signal intensity value, as prepared by subtracting the background value from the values indicating the signal intensities, takes the form of a normal distribution. By standardizing the normal distribution, therefore, it is possible to compare the data which are measured from the DNA chips of the same kind or of different kinds.

[続葉有]

WO 02/01477 A1

ACTION