

ことは、両者のアプローチに何らかの関連があることを示唆している。本報告では、この関連の一端を明らかにする。まず、ベイズ予測における客観的プリアーの導出法を与える。つぎに、それから得られるプリアーを使い、予測尤度を構成する方法を考える。

F-5 Regret Region Hypothesis Testing Using Unbiased Statistics: Case of the Exponential Distribution

筑波大・社工 野上佳子*

これまで、不偏統計量についての検定は殆ど論じられていない。ここでは、左縮み型指数分布の2つの母数の不偏統計量を用いて、両端検定と片端検定を論じる。Lagrange法に基づいて母数の最小確率区間を逆変換して、後悔領域を作る検定を紹介する。これらは、ある最適性をもつことを後悔確率関数を用いて示す。

9月5日(金)(昼 A会場)

コンペティション (6)

座長 東大・農生 岸野洋久

A-1 臨床試験におけるクラスターランダム化デザインの基礎的検討

東大・医・院 吉田悦子*
東京理大・工・院 菅波秀規
東大・医 大橋靖雄

救命救急における処置間比較をランダム化試験において実施する場合、被験者を単位とするランダム化よりも、施設あるいは施設のある時期を単位とするクラスターランダム化の方が被験者を集めやすいと考えられる。しかし後者では、被験者数を一定とした場合に検出力低下が懸念され、被験者の集めやすさと検出力の低下のバランスが問題となる。本研究では、被験者を単位とするランダム化とクラスターランダム化を解的に比較する。

A-2 長距離から反射平面をスキャンした画像とその再生法

慶應大・理工 青木義充*
慶應大・理工 加藤剛

長距離から電磁波で反射平面をスキャンする問題を考える。具体例としては、人工衛星による地表面画像取得がある。長距離からのスキャンでは、ぼやけた画像しか得られないので、適切な補正が必要となる。本報告では、新しい補正法として差分フィル

タを提案している。この手法を用いることにより、従来のものに比べ、より鮮明な画像が得られる。

A-3 折れ線関数によるモデル検証能力

中央大・数学・院 大野和広*
長崎大・環境科学 中村剛

非線形回帰モデルで用いられる関数形の決定は有意性検定結果のP値に影響を与える。臨床試験の薬効評価において、折れ線回帰法は層別ログランク検定と線形Cox回帰モデルよりも高い検出力を持つことは確立されているが、検定のサイズの評価は充分には研究されていない。そこで検定のサイズを層別ログランク検定及び線形Cox回帰モデルと比較する問題を考察した。高次の折れ線回帰法とスプライン関数の関係に関しても考察した。

9月5日(金)(午後 A会場)

ゲノム・遺伝解析

座長 東大・農生 岸野洋久
東大・医 伊藤陽一

A-1 ミレニアム・ゲノム・プロジェクトの試験デザインにおける統計学的考察

東京理科大・工 佐藤泰憲*
東京理科大・工・院 菅波秀規
東京理科大・工 浜田知久馬
東京理科大・工 吉村功
国立がんセ 吉田輝彦
国立がんセ 吉村公雄

ミレニアム・ゲノム・プロジェクトの目的は、個人の体質の違いや薬剤の応答性・副作用につながるSNPを同定することである。しかし、ゲノム網羅的なSNPタイピングにはコストと時間がかかるので、コストや実験効率を考慮した試験デザインを検討する必要がある。本発表では、コスト一定という条件の下で、疾患の発症と関連するSNPを同定する確率(正判定率、陽性的中率)を最大にする試験デザインを提案し、性能評価の結果を報告する。

A-2 サンプル遺伝子の系図過程と遺伝的多様性

名古屋市大・システム 能登原盛弘*

地理的な構造を持つ生物集団からサンプルした中立な遺伝子の系図過程を考える。遺伝子の系図については1982年のKingmanによる論文以来、集団遺伝学では、盛んに研究がされている。これに集団の地理的な構造を考慮に入れると、移住(migration)とCoalescenceを伴うマルコフ過程(死滅過程)で表現

される。このマルコフ過程を用い、サンプル遺伝子の共通祖先までの待ち時間や遺伝的多様性について解析した結果を報告する。

A-3 BP アルゴリズムによる遺伝子マーカーデータの解析

東工大・情報理工 間 瀬 茂*

確率ネットワークに対する BP (Belief Propagation) アルゴリズムを用いて、FJHN と呼ばれる遺伝子疾患をもつ、6 世代 65 人の大家系の遺伝子マーカーデータを解析する。東京女子医大の鎌谷教授等のグループは、FJHN の発病が、5 つの隣接する遺伝子マーカーの、ある特有のパターンと強い関連をもつことをつきとめた。この発表では、その際必要だった膨大な計算が、BP アルゴリズムを用いることにより、効率的に実行できることを紹介する。

A-4 分子系統樹の頑健ベイズ推定

サウスカロライナ大・農生 Peter Waddell

東大・農生 岸 野 洋 久*

サウスカロライナ大・院 Xijiang Miao

推定された分子系統樹の精度評価の方法として、ブートストラップが広く用いられてきたが、近年ベイズ法が浸透してきている。優れた論理性を持ち、また分子進化の統計モデルを通して種々の進化生物学の問題に答えを出している。がこれと裏返しに、ブートストラップに比べモデル依存性が強いことが難点とされている。ベイズの枠組みにブートストラップを組み込むことにより、論理性と頑健性の両者を追求することについて報告する。

A-5 分子標的薬剤に対する用量反応性遺伝子の探索

東大・医 伊 藤 陽 一*

東大・医 大 橋 靖 雄

細胞増殖に関与する物質に特異的に作用する分子標的薬剤の開発において、腫瘍縮小効果が得られなかった場合であっても、薬剤が生体内で標的としていた物質に関与していることを確認することが求められている。本研究では、マクロアレイを用いた実験データから、個々の遺伝子の用量反応性の指標を構築することを目的とする。マクロアレイの正規化と用量反応性の指標のモデル化を同時に行う階層的なモデルの適用を試みる。

A-6 DNA Library Screening のためのポジティブ発見アルゴリズム

慶應大・理工・院 上 原 啓 明

みずほ信託銀行 橋 本 剛 直

慶應大・理工 神 保 雅 一*

DNA library screening において pooling design と呼ばれる group testing の方法が用いられることがある。本報告では、pooling design の結果から真の positive を発見するアルゴリズムを提案し、その効率を MCMC による方法と比較する。

A-7 分子系統学における統計学的問題

統計数理研 長谷川 政 美*

DNA や蛋白質などの分子配列データから分子系統樹を推定する際のさまざまな統計学的問題を議論する。

9月5日(金)(午後 B会場)

時系列モデル

座長 統計数理研 北 川 源 四 郎

B-1 ある非定常な多変量時系列の分析について

中央大・理工・院 田 中 哲 也*

中央大・理工 藤 井 光 昭

中央大・理工 吉 村 豊

本研究では、体力測定関係の時系列データを取り扱う。非定常かつ非線形であるようなデータの分析を念頭におき、モデルのあてはめ、もしくは定常化しての相関分析などの多変量時系列の分析を検討する。

B-2 On Evaluation of Wavelet Coefficient Domain MLEs Associated with Gaussian Processes

一橋大・経済 川 崎 秀 二*

Gauss 過程の wavelet 係数ドメインにおける MLE を考察する。マイルドな条件の下、モーメント法による推定量は MLE に近いパフォーマンスを呈する事を示し、その近さを分散等の意味で評価する。これを用いて Cramer-Rao 下界との比較を行う。定常増分過程やマルチンゲール等幾つかの過程クラスに対し、この評価の検証を行う。