

2 群判別において、サポートベクタマシン(SVM)と統計的判別関数(中でも Fisher の線形判別関数)では判別関数の同定方法が異なる。本研究では、SVM と統計的判別法の違いを検証するために「マハラノビス距離と正分類率の関係」、「判別関数の係数」、「影響観測値と SVM サポートベクタとの関係」に注目したシミュレーション研究を行い、その結果を報告した。

#### D-2 Whole-genome study における平滑化を用いた p 値の調整方法

東大・医・院 田中 紀子\*  
東大・医 山口 拓洋

Whole-genome study を行った場合の有意水準について、今まで様々な議論がなされ多くの棄却限界値が提案されてきている。検定の多重性を考慮した棄却限界値は必要ではあるが、一つ一つのマーカーについて計算された p 値より、ある領域が真に疾患と関連しているか否かに興味がある場合がある。本研究では、このような状況において有用と考えられる平滑化を適用した方法を提案する。

#### D-3 進化速度の確率変動モデルと共進化の検出

東大・農 岸野 洋久\*  
NCSU J. L. Thorne

分子進化のベイズ型階層モデルにより、速度変動と時間を分離することが可能となった。このモデルを複数の遺伝子の解析用に拡張し、速度変化の相関関係から遺伝子間の共進化を統計的に検出する手法を考案した。反射法によるシミュレーションにより、速度変動の大きさと系統間の相関を考慮に入れ、遺伝子間の相関を検定することが可能となった。ゲノムの種間比較に基づく遺伝子機能・ネットワーク予測の可能性について考察した。

#### D-5 継承分布の計算法について

東工大・情報理工 間瀬 茂

遺伝連鎖解析では推定すべきパラメータである組み換え比から直接出発するモデルが基本となっている。又推定された組み換え比を地図関数と呼ばれる関数を用いて染色体上の遺伝的距離に変換することが普通である。一方遺伝学の文献では、組み換えはより基本的な現象である乗り換えの結果であることが強調されている。乗り換え現象を直接モデル化することにより、組み換え比と対応する遺伝的距離を同時推定できるモデルを提案した。

#### 9月8日(日)(午後(I) E会場)

##### 共通テーマ：実験計画法とその応用

オーガナイザー 九大・数理 百武 弘 登  
座長 東京理大・理 瀬尾 隆

##### E-1 繰り返し測定値における同時信頼区間

九大・数理 長久 武\*  
九大・数理 百武 弘 登

繰り返し測定値に対して、ランダム効果を考慮した非線形モデルを仮定し、多重比較を同時信頼区間により行い、数値例を与えた。信頼区間はモデルの非線形関数をテラー展開することで近似的に構成し、近似の精度をシミュレーションにより検証した。

##### E-2 平均ベクトルの線形関数の成分に関する多重比較について

筑波大・数学 青嶋 誠

分散共分散行列が互いに異なる複数個の多次元正規分布について、平均ベクトルの線形関数の成分に関して多重比較を考えた。具体的には、テューキーの対比較・スーの最良との比較・ダネットの対照との比較を、成分に関する同時信頼区間として捉え、与えられた長さや信頼係数を保証する標本数を決定するための方法論を、二段階標本抽出法に基づいて提案した。実際の応用例として、治療薬の効き目を時間の経過を追って比較する問題が提示され、本研究で与えられた手法による多重比較の解析結果が考察された。

##### E-3 多段階抽出法による最良母集団の選択問題

熊本大・工 高田 佳和

複数個の正規母集団から最良母集団(母平均最大)を選択する問題を考察した。母分散が未知の場合、各母集団からの標本の抽出に多段階抽出法(2段階抽出法、3段階抽出法、修正3段階抽出法)を用いた場合、その抽出方法の特性の理論的考察とシミュレーションによる比較を行った。その結果、修正3段階抽出法は、2段階抽出法、3段階抽出法それぞれの良さを兼ね備えた抽出法であることがわかった。

##### E-4 凹性仮説検定のための最適実験計画

明星大・理工 広津 千尋\*  
癌研・ゲノムセ 牛嶋 大

順序制約下にある母数の推定、検定については既に多くの論文があるが、一方、最適実験計画を扱っ