

9月3日(水)(午後(I) F会場)

企画セッション：高次元データ解析の理論と応用(1)

オーガナイザー 広島大・理 若木 宏文
座長 広島大・理 若木 宏文

F-1 共役解析における標準化事後モードの利用

統計数理研 柳 本 武 美*
統計数理研 大 西 俊 郎

共役事前分布を用いるときの実際的な困難の一つが、Jacobian 項の選択である。また母数の推定法として、事後平均を採用するか事後モードを採用するかの問題がある。この講演では、Jacobian 項を無視して事後モードを採用することを提案した。この裏付としては共役事前分布の相対エントロピー表現がある。この扱いはいわゆる penalized 尤度の利用にも役立つ。

F-2 ジャンプ型拡散過程の離散観測からの推定について

東大・数理・院 清 水 泰 隆*
東大・数理 吉 田 朋 広

ジャンプ型拡散過程のパラメトリック推定、特にある離散観測からの推定に関する報告である。ジャンプは複合ポアソン過程によって生成されるものを考える。各観測間でのジャンプの有無を、ある種の漸近フィルターによって判別することで近似的な推移確率を求め、それを元に推定関数を構成する。そこから得られた推定量に対する漸近有効性が示される。

F-3 OU-SVM における汎関数の漸近展開の正当性について

東大・数理・院 増 田 弘 毅*
東大・数理 吉 田 朋 広

Barndorff-Nielsen and Shephard (2001, JRSS B) によって定式化された連続時間の確率変動モデルにおいて観測される、潜在 OU 過程とレヴィ過程から成る汎関数に対し、漸近展開の導出する一つの方法を報告する。この際、OU 過程のミキシング性とジャンプを持つ確率過程に対する Malliavin 解析が重要となる。

9月3日(水)(午後(II) A会場)

企画セッション：シグモイド型用量反応関連の問題

オーガナイザー 中外製薬 高 橋 行 雄
座長 中外製薬 高 橋 行 雄

A-1 シグモイド型用量反応関連の問題を企画した経緯および概要

中外製薬 高 橋 行 雄*

この企画は、各種の環境ホルモンが子宮重量に与える実験データについて比較検討したいがどのように解析したらよいのか、という質問を、実験研究者から受けたことによる。同様の問題は、他の研究分野にも内在していて、基準となる物質との比較を D10 について行いたい、どうしたらよいのか、この問題についてチュートリアル的な要素も含めてセッションを構成した。

A-2 シグモイド型反応に関する古典的な線形化解析手法

明治製菓 馬 場 淳
中外製薬 高 橋 行 雄*

生体が示す各種の反応や受容体トリガンドの結合など、用量反応関係がシグモイドとなる実験は数多く知られているが、その理論的取り扱いのルーツは古典的な酵素反応速度論に求められる。Michaelis 定数を初めとする主要パラメータを算出するために工夫されてきた種々の線形化解析法を概観すると共に、非線形回帰モデルを用いた解析を適用することの意義を明らかにする。

A-3 2値および計量値のシグモイド曲線の推定および逆推定

昭和薬品化工 杉 山 公 仁

反応が2値データの場合にロジスティック回帰により D50 のみならず D10 や D90 を逆推定し、それらの95%信頼区間の推定法を示す。また、シグモイド型の計量値データの場合は非線形回帰モデルにより D50 及び最大反応量 (Emax) とその95%信頼区間が直接推定できる。ロジスティック回帰と同様の考え方で、D10 や D90 が求められることを示すとともに、酵素反応やリガンドバインディング試験への応用について示す。

A-4 細胞毒性試験における事例適用

京大・医 大 森 崇*
東京理大・工・院 佐 藤 真 理

日本動物実験代替法学会が実施した細胞毒性試験のバリデーション研究では、既存のプログラムではED50が推定できない場合があるという問題が生じた。筆者らは反応が計量値である用量反応曲線のED50の推定法を検討し、この問題を解決した。ここでは、このときの検討内容や解析のために作成したSASプログラムLAP-JSAEについて話すとともに、ここで用いた方法を他の事例に用いる際に考慮すべきいくつかの点を示す。

A-5 複数のシグモイド曲線の同時推定

キッセイ薬品工業 山田 雅之*
グラクソ・スミスクライン 吉田 光宏

同じ実験条件下で、新たに合成された化合物と標準物質の対数用量における反応に対して、平行なシグモイド曲線があてはめられた時、ある一定の反応を得る2化合物の用量の比が定義できる。複数の平行なシグモイド曲線をあてはめるためには、ダミー変数を含む非線形回帰モデルが有用であり、このモデルを用いて効力の差を求め、そのantilogから効力比と95%信頼区間が得られる。

A-6 用量反応曲線のあてはめソフトの評価

エーザイ 板東 正博*
中外製薬 高橋 行雄

シグモイド曲線をあてはめるための代表的な専用ソフト、BMDs, SigmaPlot, WinNonlinの概略を示し、汎用ソフト、SAS, S, JMPとの使い分けなどについて報告する。

A-7 身近なExcelのソルバーによる非線形回帰

元東京理大・工 芳賀 敏郎

非線形回帰の解析プログラムは殆どの市販統計解析プログラムには備えられている。しかし、自分の選んだ手法が妥当でなければ誤った結果となる。それに対してExcelのソルバーで解く方法は、解析者が細かい所まで指定しなければ解が求まらないので、初学者が手法を理解するには最適なものではないかと思われる。すなわち、ソルバーで各手法の意味を理解した上で、現実の問題は市販のソフトを利用するというのが良いであろう。

A-8 Bandwidth Selection for Kernel Smoothing in Binomial Regression

中国短期大・経営情報 奥村 英則*
島根大・総合理工 内藤 貫太

2項回帰関数の推定問題において、各共変量にお

ける分散の不均一性を考慮したkernel推定量を考え、それに含まれるバンド幅のAMISEに基づく選択法を提案した。選択されたバンド幅の代入によって、一致性と漸近正規性をもつkernel推定量が構成された。バンド幅の挙動を調べるためのシミュレーションの結果と生物検定法への応用例から提案した選択法の有効性を示した。

9月3日(水)(午後(II) B会場)

企画セッション：DNAアレイデータ解析に関する統計的諸問題

オーガナイザー 統計数理研 樋口 知之
座長 統計数理研 樋口 知之
東大・医科研 井元 清哉

B-1 DNAアレイデータ概説

東大・医科研 井元 清哉*
統計数理研 樋口 知之

本報告では、遺伝子発現データ解析の第一段階として、遺伝子発現データの理解を目的とした導入解説を行った。特に、cDNAマイクロアレイを中心にオリゴヌクレオチドマイクロアレイ、マクロアレイによって観測される遺伝子発現データについて、生物学的背景、観測技術、データに混入する可能性のあるノイズについての導入解説を行った。

B-2 cDNAマイクロアレイデータの数理モデルおよび統計解析

JBIC 大谷 敬子*
広島大・原医研 大瀧 慈
広島大・原医研 佐藤 健一
広島大・原医研 西山 正彦

2色蛍光法によるcDNAマイクロアレイデータは、性質の異なる2種類の細胞の遺伝子の発現強度を比較することを目的としたものである。得られた遺伝子発現強度データに対して2変量正規混合分布に基づく数理モデルを導入し、実験過程で生じた様々な系統的な偏りの補正(ノーマライゼーション)のためのアルゴリズムおよびソフトウェアを開発した。さらに、今回の手法を実データに対し適用し、2種類の細胞間で異なった発現を示す遺伝子の探索を試みた。

B-3 背景ノイズの評価に基づく遺伝子発現量データのクラスタ解析

奈良先端科学技術大 大羽 成征*
奈良先端科学技術大 石井 信