

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