

#### A-4 cDNA アレイデータに対する検定の多重性と 相関を考慮した解析方法の検討

東大・医・院 口 羽 文\*  
東大・医 伊 藤 陽 一  
東大・医 大 橋 靖 雄

cDNA アレイデータの統計学的問題として、検定の多重性が挙げられる。検定の多重性を考慮する一手法として、 $p$  値を併合する Fisher's combined probability test がある。本研究では、cDNA アレイデータに対して、原法どおりこの検定統計量を  $\chi^2$  分布で検定する方法と、遺伝子間の相関を考慮するために permutation test を行う方法を  $\alpha$  エラーと検出力の観点から比較する。

9月4日(木)(午前 A会場)

#### 企画セッション：SNP データの解析における統計的諸問題

オーガナイザー

癌研・ゲノムセンター 松 浦 正 明  
統計数理研 江 口 真 透  
座長 癌研・ゲノムセンター 松 浦 正 明

#### A-1 一塩基多型(SNP)データとその統計学的側面

癌研・ゲノムセ 磯 村 実\*  
癌研・ゲノムセ 牛 嶋 大

近未来のオーダーメイド医療としての遺伝学的体質診断を目指し、患者の薬剤感受性や副作用の強度を規定する遺伝子多型として、現在 SNP が注目されている。その SNP についての生物学的意味とデータの性質・特徴を概説し、今後のバイオインフォマティクスにおける統計科学の発展に寄与すべく、データが実際に取られる背景から実際の SNP 解析の各種応用などに関して、特に統計学的に重要なポイントに焦点を当てて紹介した。

#### A-2 モデルに基づいた SNP 遺伝子型タイピング

統計数理研 藤 澤 洋 徳\*

SNP 遺伝子型をタイピングする方法として、インベータ法と統計的クラスタリング法を組み合わせた方法が使われている。ところが、これまでに使われていた統計的クラスタリング法では、安定的にタイピングできない。本報告では、正規混合分布に基づいた統計的クラスタリング法を採用して、さらに、インベータ法の特徴に着目した罰則付き尤度法によってチューニングした方法を議論した。

#### A-3 インベータ法による SNP 遺伝子型データの 2変量正規混合分布に基づく分類

広島大・原医研 佐 藤 健 一\*  
JBIC 大 谷 敬 子  
癌研・ゲノムセ 牛 嶋 大  
癌研・ゲノムセ 磯 村 実  
癌研・ゲノムセ 松 浦 正 明  
癌研・ゲノムセ 三 木 義 男  
広島大・原医研 大 瀧 慈

SNP 多型特定のための生物学的実験であるインベータ法から得られるデータに対する新しい統計解析法を提案した。対立遺伝子に関して測定された遺伝子発現データに対して、高々4個のコンポーネントを持つ2変量正規混合分布を適用し、SNP に関する遺伝子型の分類を試みた。

#### A-4 一塩基多型に基づくデータ解析

癌研・ゲノムセ 宮 田 敏\*

一塩基多型 (SNP) はゲノム上における一塩基の相違であり、その位置と塩基の種類により生物学的な機能や表現型への影響が異なる。特に SNP の相違と疾患の間の関連を調べることで、疾患関連遺伝子又はそのマーカーを同定できるものと期待されている。本報告では、がん患者の SNP 情報と臨床効果や抗がん剤の副作用といった疾患情報を扱い、そのデータ解析例を示すとともに、それに付随する問題点を指摘した。

#### A-5 連鎖不平衡解析における多座位の関係

JBIC 富 田 誠\*  
東京女子医大 鎌 谷 直 之

SNP データから分かる遺伝子型から表現型への関連性を考える上で連鎖不平衡があるか否かを検討するのが有効な手段であると考えられる。座位間でのアレルの結び付きとなるハプロタイプの頻度推定を行えば、代表となるハプロタイプを絞り込むことができる。ハプロタイプを構成する領域がどの程度まで広げられるかは連鎖不平衡係数の強さを用いて判断されているが、分割表の独立性の検定により高次元の連鎖不平衡を検討した。