

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る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。