

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 5 月 24 日現在

機関番号：11301
研究種目：基盤研究(C) (一般)
研究期間：2013～2015
課題番号：25460403
研究課題名(和文)ゲノムコホート研究のための遺伝統計学

研究課題名(英文)Statistical Genetics for Genome Cohort Study

研究代表者
田宮 元 (TAMIYA, Gen)

東北大学・東北メディカル・メガバンク機構・教授

研究者番号：10317745
交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：疾患発症に効果を持つ遺伝子と環境因子を、ゲノムコホート研究に典型的な $p \gg n$ 条件の小標本高次元データから統計学的保証を持って、柔軟かつ高速に抽出するために、高次元変数選択の枠組みを利用した遺伝統計手法の開発を行った。具体的には、周辺回帰とそれに引き続く罰則回帰による変数選択を組み合わせた高次元変数選択の枠組み(SIS; Sure Independence Screening)を実データ、とくに遺伝子×環境相互作用データへの適用が可能となるよう拡張するための解析を行い、ソフトウェアプログラムに反映させた。

研究成果の概要(英文)：For rapid and flexibility extraction of genetic and environmental risk factors from large-scale prospective genomic cohort data, we propose a new genetic statistical method utilizing a framework of the high-dimensional variable selection under $p \gg n$ condition of the high-dimensional and small-sample size data from such genomic cohort study; at first we extended Sure Independence Screening, which combines ranking (marginal regression) and variable selection (penalized regression), to gene × environment interaction data. Finally, we improved our software program by reflecting these findings.

研究分野：人類遺伝学、遺伝統計学、ゲノム科学

キーワード：遺伝統計学 人類遺伝学 コホート研究 高次元変数選択法 遺伝子×環境相互作用

1. 研究開始当初の背景

疾患発症に効果を持つリスク要因の医学研究は、現在、本質的なジレンマに直面している。生体分子の操作が可能になって以降、簡単な仮説設定とその検証実験や観察によって、研究対象とする生命現象に対して強い効果を持つ要因を取り出すことが一大潮流となって来た。疾患や人体発生などに強い効果を示す様々な遺伝子 DNA が同定され、それらは個々の現象の「原因」であるとされる。ところがこのような研究はすぐに限界に達する。単純な仮説や実験で取り出せるような強い効果を持つ要因はすぐに枯渇してしまうからだ。例えばメンデル遺伝性疾患の原因遺伝子（疾患と遺伝子の関係が一對一として認識可能なほど遺伝子）はすでにほとんどが取りつくされ、疾患遺伝子探索は中程度の効果を持つ遺伝子や隠された複雑な効果を持つ遺伝子の同定に向かっている。ところが、従来の強い効果を持つ少数の要因を同定するための仮説設定や実験、その統計的検討のための標準的手法は、中程度の効果や複雑な効果を持つ多数の要因を同定するためにはほとんど無力である。標準的な枠組みでは、有効な仮説を設定できないか、できたとしてもその検証のために非現実的な網羅性やサンプルサイズが要求されたり、もはや統計学的な保証のないデータ分析しか適用できないために、見出した要因に科学的確信を持つことが原理的に不可能になってしまう。このような傾向は特に、疫学研究や、大規模 SNP ジェノタイプを用いたゲノム医学研究において顕著となっている。タバコや血友病遺伝子のように、誰もが知っているような強い効果を持つ要因はすでに取りつくされ、疫学とゲノム医学の両分野は、ともに中程度の効果や複雑な効果をもつ要因の同定に方向転換されてきたが、それぞれ単独では有効な打開策を見出せていない[Taubes 1995; Clayton & McKeigue 2001]。疫学とゲノム医学の両分野は現在、隠された強い効果として期待される「要因間（遺伝子×遺伝子あるいは遺伝子×環境）の相互作用」の研究に収斂しつつあり、その実現のため、両分野の融合した大規模ゲノムコホートが整備され始めているが、その種の研究が生産する網羅的データは少標本高次元の特徴を持ち、これを統計学的な保証を持って有効に分析する方法が存在しない。これがいわゆる $p \gg n$ 問題あるいは機械学習分野で古くから知られる「次元の呪い」であり[Hoh & Ott 2003]、その本質的解決なくしては、大規模ゲノムコホート研究は本来の目的を達し得ない[植木 & 田宮 2009; 田宮ほか 2011]。

従来、血圧やカロリー摂取量のような量的データであれば線形回帰が、疾患のような悉無形質（二値形質）であればロジスティック回帰分析が用いられる。特に、多数の説明変数を許す重回帰モデルを用いれば、交絡要因や相互作用項を容易に扱うことが出来るた

め、回帰分析の枠組みが好んで用いられてきた。この重回帰モデルでは、 n 人のサンプルに対する p 個のパラメータを持つ複数次元の線型方程式（正規方程式）を解き、各回帰係数を推定する。しかし、 $p > n$ 条件下（説明変数よりもサンプルサイズが小さい条件）では正則性の破綻から逆行列が得られず、一意な解が求められない。従来は、この問題の解決として、赤池情報量基準（AIC）のようなモデル選択基準を用いて節約的モデルを探索し、効果を持たない余剰な説明変数を除外するという手法がとられてきた。いわゆるモデル選択によるステップワイズ回帰分析（変数選択）である。ところが、ゲノムコホート研究で取得される説明変数の個数（そして推定されるべきパラメータ数）は極端に多い。例えばゲノムデータに限っても、ヒトゲノム中で情報量をもつ潜在的な単一塩基置換（SNP）は 100 万程度であるが、サンプルサイズは多くても数千のオーダーを超えることはない（これを $p \gg n$ 条件と呼ぶ）。従来のモデル選択は 2 の p 乗のオペレーションを要求し、GWAS（ゲノムワイド関連解析）のようなゲノムデータでは例え次世代スーパーコンピュータであっても計算実行可能性を持たない。現状の大規模ゲノム研究では、この問題をとりあえず回避するために、多くの変数を協調的に扱うことを諦め、単一の変数（SNP）ごとの仮説検定（単変数回帰と同じ）を多重に繰り返し、最終的に行った検定全体で偽陰性率・偽陽性率を調整して p 値を補正するという方法が取られている。これは多重検定の一種とみなされているが、ここまで極端な $p \gg n$ 条件でこの調整が適切に機能しているとは期待できない。相互作用で扱われる次元数はさらに極端に大きい。例えば、50 万 SNPs データでたった二座位の相互作用を検討する際にも、探索すべきパラメータ空間はモデルによっては 1 兆次元を超える。これが原因で、網羅的な相互作用の研究は実施が不可能とされて来た。このような問題の克服のために、探索的なノンパラメトリック手法である多因子次元削減（Multifactor Dimensionality Reduction; MDR）やアンサンブルツリーなどの再帰的分割アプローチが開発されているが、極端な計算量が必要とされ、数十万ものゲノムワイド SNPs データでは、やはり計算実行可能性が維持できない。そこで、国内外では、単回帰の P 値などを閾値にして事前に SNPs 数を削減する手法が主流となっているが、これでは単独では陽性（主効果）を示さない SNP が選抜に残らず、本来の相互作用が取り逃されてしまうという深刻なジレンマに陥っている。さらには、主効果は相互作用の検出を困難にすることも分かっている。そこで、本研究では、このような本質的困難の解決策として、最先端の統計学分野で $p \gg n$ 問題の解決のために開発されてきた高次元変数選択法のような柔軟な各種の統計手法を遺伝学分野に応用し、実

際のゲノムコホートデータに適用して、統計学的保証を持って相互作用検索を実現可能にすることである。具体的には、これまで行ってきたゲノムデータにおける超高次元変数選択法 SIS (Sure Independence Screening) の研究をさらに発展させ、実際のゲノムコホートデータでの遺伝子×遺伝子相互作用ならびに遺伝子×環境相互作用への適用を行う。この研究によって、ゲノムコホート研究の目的である要因間の相互作用検索が可能になり、隠された強い効果が見出され、ひいては柔軟な個別化医療や予防法の開発につながると期待される。

2. 研究の目的

すでに一部の開発を終えている超高次元変数選択法ソフトウェアを拡張し、ゲノムコホートデータへ適用して、遺伝子×遺伝子ならびに遺伝子×環境相互作用の解析を実行可能にする。現在、国内外では、相互作用解析はノンパラメトリックな探索的手法が主流であり、その計算実行の困難性から、SNP-GWAS データを網羅的に用いた遺伝子×遺伝子相互作用解析は事実上研究されていない。本研究は、このような現状において、統計学的な限界を克服し、より網羅的な遺伝統計学的手法を開発するところが特色・独創的な点である。この研究によって、世界で始めて、真に SNP-GWAS データを網羅的に用いた遺伝子×遺伝子相互作用解析手法が開発され、妥当な計算機資源で実行可能なソフトウェアが開発・公開される。このようなソフトウェアは、限られた研究施設でなくとも遺伝子×遺伝子相互作用解析の実行を可能にし、単一 SNP の検定に基づく GWAS 解析のジレンマを打破するブレークスルーになると期待される。

3. 研究の方法

高次元変数選択法の検討 $p \gg n$ 問題を初めて部分的にでも解決したのは、1998 年に Tibshirani によって開発された Lasso である。単一のモデル選択基準計算のみで罰則付き最適化 (正則化) を行うことで、データを妥当な次元まで収縮 (shrinking) させるという回帰分析手法である。Lasso を皮切りに、罰則項を工夫した様々な手法が開発され、罰則回帰 (による高次元変数選択) と総称される。しかし申請者らの予備的な検討では、Lasso 関連手法は相互作用解析のデータ規模では計算実行可能性が維持できないことが分かった。そこで、まず相互作用項も含めた全ての説明変数に関して尤度などの尺度でランキングを作成して、そこから妥当な個数の上位変数を取り出し (周辺回帰)、その上位変数セットに関して高精度の罰則回帰を施すという二段階の手法の実装を行った。これは Fan らの開発した超高次元パラメータ空間における高次元変数選択法であり、Sure Independence Screening (SIS) と呼ばれる。

SIS であれば、周辺回帰パートを容易に並列化することが可能であるため、ゲノムワイドデータにも適用可能となった。更に、SIS は一般化線形モデルへも拡張されているため、ロジスティック回帰によって疾患二値データ (罹患・非罹患) を扱えることからこの枠組みを採用することとした。

4. 研究成果

本研究は、疾患発症に効果を持つ遺伝子と環境因子を、ゲノムコホート研究に典型的 $p \gg n$ 条件の小標本高次元データから統計学的保証を持って、柔軟かつ高速に抽出するために、高次元変数選択の枠組みを利用した遺伝統計手法を開発することを目的としている。そのために、まず周辺回帰とそれに引き続く罰則回帰による変数選択を組み合わせた高次元変数選択の枠組み (SIS; Sure Independence Screening) を実データ、とくに遺伝子×環境相互作用データに適用可能に拡張することを目的として、下記の手順で解析を行った。

(1) ソフトウェア実装と実データでの検査

実際のゲノムデータに対して、分割表の各セルを個別に評価する Cell-wise Dummy Coding (CDC) と、balanced accuracy のような指標で分割表を柔軟に再構成する Adaptive Dummy Coding (ADC) の二種類のコーディング法を適用して、得られた周辺回帰ランキング統計量 (尤度やオッズ比や p 値) の分布を検査した。特に上位ランキング変数の抜き出し基準の統計学的検討を実施した。

(2) 遺伝子×環境相互作用への拡張

飲酒や喫煙などの生活習慣に関する環境暴露データを、順位のあるダミー変数あるいは順位のないダミー変数としてコーディングし、SNP との分割表を集計することで、上記の SIS の枠組みによるソフトウェアプログラムを遺伝子×環境相互作用の解析に拡張した。作成されたソフトウェアを用いて、実際のいくつかのゲノムワイドデータに適用し、結果のフィードバックと更なるチューニングを行った。特に、相互作用検索時に深刻な偽陽性を生む SNP のクラスタリングエラーについて、各 SNP のクラスタリングに関する QC データを利用し、低いクオリティのデータを事前に排除出来る工夫を行った。

疾患発症に対して、隠された強い効果として期待される「要因間 (遺伝子×遺伝子あるいは遺伝子×環境) の相互作用」の解析を実現するためには、最先端の統計学分野で $p \gg n$ 問題の解決のために開発されてきた高次元変数選択法のような柔軟な各種の統計手法を遺伝学分野に応用すること、さらに実際のゲノムコホートデータに適用して、統計学的保証を持って相互作用検索を実現可能にすることが必要である。そのために、これまで行ってきたゲノムデータにおける超高次元変数選択法 SIS (Sure Independence

Screening)の研究をさらに発展させ、実際のゲノムコホートデータでの遺伝子×遺伝子相互作用ならびに遺伝子×環境相互作用への適用を進めた。

これらの進捗は当初の研究計画に沿って予定通り実施され、目標をほぼ達成した。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 23 件)

Ogino D, Hashimoto T, Hattori M, Sugawara N, Akioka Y, Tamiya G, Makino S, Toyota K, Mitsui T, Hayasaka K. Analysis of the genes responsible for steroid-resistant nephrotic syndrome and/or focal segmental glomerulosclerosis in Japanese patients by whole exome sequencing analysis. *J Hum Genet.* 査読あり 61(2):137-41. 2016.

doi: 10.1038/jhg.2015.122.

Okamura K, Oiso N, Tamiya G, Makino S, Tsujioka D, Abe Y, Kawaguchi M, Hozumi Y, Shimomura Y, Suzuki T. Waardenburg syndrome type IIE in a Japanese patient caused by a novel missense mutation in the SOX10 gene. *J Dermatol.* 査読あり 42(12):1211-2. 2015.

doi: 10.1111/1346-8138.13095.

Okamura K, Ohe R, Abe Y, Ueki M, Hozumi Y, Tamiya G, Matsunaga K, Yamakawa M, Suzuki T. Immunohistopathological analysis of frizzled-4-positive immature melanocytes from hair follicles of patients with Rhododendrol-induced leukoderma. *J Dermatol Sci.* 査読あり 80(2):156-8. 2015.

doi: 10.1016/j.jdermsci.2015.07.015.

Nakaya N, Nakamura T, Tsuchiya N, Tsuji I, Hozawa A, Tomita H. The association between medical treatment of physical diseases and psychological distress after the Great East Japan Earthquake: The Shichigahama Health Promotion Project. *Disaster Med Public Health Prep.* 査読あり 9(4):374-81. 2015.

doi: 10.1017/dmp.2015.52.

Nakamura T, Yagi K, Yamamoto Y, Douke H. Sequential Multiple Comparison Procedure for Detecting Interaction in Dose Response Test. *Journal of the Japanese Society of Computational Statistics* 査読あり 44(2):315-39. 2015.

doi: 10.11329/jjssj.44.315

Nakaya N, Nakamura T, Tsuchiya N, Tsuji I, Hozawa A, Tomita H. Unemployment risk among individuals undergoing medical treatment for chronic diseases. *Occup Med(Lond)* 査読あり 66(2):143-9. 2015.

doi: 10.1093/occmed/kqv159.

Nakaya N, Nakamura T, Tsuchiya N, Narita A, Tsuji I, Hozawa A, Tomita H. Prospect of the future housing and the risk of psychological distress at one year after an earthquake disaster. *Psychiatry Clin Neurosci.* 査読あり 70(4):182-9. 2015.

doi: 10.1111/pcn.12377.

Kawasaki Y, Ueki M. Sparse predictive modeling for bank telemarketing success using smooth-threshold estimating equations. *Journal of the Japanese Society of Computational Statistics* 査読あり 28:53-66. 2015.

doiなし

Shimanuki M, Abe Y, Tamiya G, Ueki M, Hozumi Y, Suzuki T. Positive selection with diversity in oculocutaneous albinisms type 2 gene (OCA2) among Japanese. *Pigment Cell Melanoma Res.* 査読あり 28(2):233-5. 2015.

doi: 10.1111/pcmr.12337.

Sato H, Uchida T, Toyota K, Nakamura T, Tamiya G, Kanno M, Hashimoto T, Watanabe M, Aoki K, Hayasaka K. Association of neonatal hyperbilirubinemia in breast-fed infants with UGT1A1 or SLCO5 polymorphisms. *J Hum Genet.* 査読あり 60(1):35-40. 2015.

doi: 10.1038/jhg.2014.98.

Obata M, Tsutsumi S, Makino S, Takahashi K, Watanabe N, Yoshida T, Tamiya G, Kurachi H. Whole-exome sequencing confirmation of a novel heterozygous mutation in RUNX1 in a pregnant woman with platelet disorder. *Platelets* 査読あり 26(4):364-369. 2015.

doi: 10.3109/09537104.2014.912750.

Tamiya G, Makino S, Hayashi M, Abe A, Numakura C, Ueki M, Tanaka A, Ito C, Toshimori K, Ogawa N, Terashima T, Maegawa H, Yanagisawa D, Tooyama I, Tada M, Onodera O, Hayasaka K. A mutation of COX6A1 causes a recessive axonal or mixed form of Charcot-Marie-Tooth disease. *Am J Hum Genet.* 査読あり 95(3):294-300. 2014.

doi: 10.1016/j.ajhg.2014.07.013.

Sato N, Htun NC, Daimon M, Tamiya G, Kato T, Kubota I, Ueno Y,

Yamashita H, Fukao A, Kayama T, Muramatsu M. Likelihood ratio-based integrated personal risk assessment of type 2 diabetes. *Endocr J*. 査読あり 61(10):967-88. 2014.

doi: 10.1507/endocrj.EJ14-0271

Ueki M. On the choice of degrees of freedom for testing gene-gene interactions. *Stat Med*. 査読あり 33(28): 4934-4948. 2014.

doi: 10.1002/sim.6264

Tateno Y, Komiyama T, Katoh T, Munkhbat B, Haida Y, Kobayashi H, Tamiya G, Inoko H. Divergence of East Asians and Europeans estimated using male- and female-specific genetic markers. *Genome Biol Evol*. 査読あり 6(3):466-73. 2014.

doi: 10.1093/gbe/evu027

Iwano M, Igarashi M, Tarutani Y, Kaothien-Nakayama P, Nakayama H, Moriyama H, Yakabe R, Entani T, Shimosato-Asano H, Ueki M, Tamiya G, Takayama S. A pollen coat-inducible autoinhibited Ca²⁺-ATPase expressed in stigmatic papilla cell is required for compatible pollination in the Brassicaceae. *Plant Cell* 査読あり 26(2):636-49. 2014.

doi: 10.1105/tpc.113.121350

Yamagata University Genomic Cohort Consortium (Tamiya G). Pleiotropic Effect of Common Variants at ABO Glycosyltransferase Locus in 9q32 on Plasma Levels of Pancreatic Lipase and Angiotensin Converting Enzyme. *PLoS ONE* 査読あり 9(2):e55903. 2014.

doi: 10.1371/journal.pone.0055903

Yoshizawa J, Abe Y, Oiso N, Fukai K, Hozumi Y, Nakamura T, Narita T, Motokawa T, Wakamatsu K, Ito S, Kawada A, Tamiya G, Suzuki T. Variants in melanogenesis-related genes associate with skin cancer risk among Japanese populations. *J Dermatol*. 査読あり 41(4):296-302. 2014.

doi: 10.1111/1346-8138.12432

Felizola SJ, Nakamura Y, Satoh F, Morimoto R, Kikuchi K, Nakamura T, Hozawa A, Wang L, Onodera Y, Ise K, McNamara KM, Midorikawa S, Suzuki S, Sasano H. Glutamate receptors and the regulation of steroidogenesis in the human adrenal gland: the metabotropic pathway. *Mol Cell Endocrinol*. 査読あり 382(1):170-7. 2014.

doi: 10.1016/j.mce.2013.09.025

Okamura K, Munkhbat B, Bachimeg B,

Tamiya G, Hozumi Y, Suzuki T. Case of a Mongolian child with extensive Mongolian spots in Mucopolysaccharidosis type VI: Identification of a novel mutation in the arylsulfatase B gene. *J Dermatol*. 査読あり 40(9):758-9. 2013.

doi: 10.1111/1346-8138.12237

②1 Tanji H, Koyama S, Wada M, Kawanami T, Kurita K, Tamiya G, Saito N, Suzuki K, Kato T, Anderson KE, Gruber-Baldini AL, Fishman PS, Reich SG, Weiner WJ, Shulman LM. Comparison of caregiver strain in Parkinson's disease between Yamagata, Japan, and Maryland, The United States. *Parkinsonism Relat Disord*. 査読あり 19(6):628-33. 2013.

doi: 10.1016/j.parkreldis.2013.02.014

②2 Shibata K, Hozawa A, Tamiya G, Ueki M, Nakamura T, et al. The confounding effect of cryptic relatedness for environmental risks of systolic blood pressure on cohort studies. *Mol Genet Genomic Med*. 査読あり 1(1):45-53. 2013.

doi: 10.1002/mgg3.4

②3 Toyota K, Hashimoto T, Ogino D, Matsunaga A, Ito M, Masakane I, Degawa N, Sato H, Shirai S, Umetsu K, Tamiya G, Saito T, Hayasaka K. A founder haplotype of APOE-Sendai mutation associated with lipoprotein glomerulopathy. *J Hum Genet*. 査読あり 58(5):254-8. 2013.

doi: 10.1038/jhg

〔学会発表〕(計 19 件)

中村智洋、回帰直線モデルでの変化点を検出するための逐次検定法の開発について、第 15 回西東京統計研究会、2016 年 3 月 9 日、駐健保会館（東京都港区）

植木優夫、嶋村海人、川野秀一、小西貞則、田宮元、超高次元スパース回帰法によるゲノムデータ解析、岡山大学 IPSR × 九州大学 IMI × 理研 CSRS シンポジウム 生命データ科学による新たな社会的価値の創造（招待講演）2016 年 2 月 23 日、理化学研究所 横浜キャンパス（神奈川県横浜市）

植木優夫、ヒトゲノムデータから見た統計科学、遺伝学と統計学における数理とモデリング（招待講演）2016 年 1 月 25 日、政策研究大学院大学（東京都港区）

中村智洋、東日本大震災後の宮城県におけるメタボリック症候群の規定要因：地域住民コホート調査、第 26 回日本疫学会学術総会、2016 年 1 月 23 日、米子コンベンションセンター（鳥取県米子市）

Ueki M, Tamiya G. Multivariate

smooth-threshold genetic prediction with unbiased model selection. East Asia Regional Biometric Conference 2015 (招待講演、国際会議) 2015年12月20日～12月22日 Conference Hall, Kyushu University Station-I for Collaborative Research (福岡県福岡市)

Ueki M, Tamiya G. Smooth-threshold multivariate genetic prediction with unbiased model selection. 広島統計談話会 (招待講演) 2015年12月4日、放射線影響研究所 (広島県広島市)

中村智洋、回帰直線モデルでの変化点を検出するための逐次検定法の開発、日本計算機統計学会第29回シンポジウム、2015年11月27日、まなぼっと幣舞(北海道釧路市)

中村智洋、東日本大震災後の睡眠薬服用開始に関連する規定要因の検討、第74回日本公衆衛生学会総会、2015年11月5日、長崎新聞文化ホール(長崎県長崎市)

植木優夫、田宮元、円滑閾値型推定方程式による遺伝的予測、科研費シンポジウム: 生命科学データ解析の方法論と健康科学への応用、2015年10月16日～10月17日、東京大学医科学研究所(東京都港区)

植木優夫、田宮元、円滑閾値型推定方程式による遺伝的予測、2015年度統計関連学会連合大会、2015年9月6日～9月9日、岡山大学津島キャンパス(岡山県岡山市)

中村智洋、Comoarison of renal function in coastal and inland area: The Tohoku Medical Megabank Communitybased Cohort Study、第25回日本疫学会学術総会、2015年1月21日～1月23日、ウインクあいち(愛知県名古屋市)

Ueki M. Choosing multiple good regression models under multicollinearity. CSA-KSS-JSS joint International Session. 2014年12月5日～12月7日、国立交通大学光復キャンパス(台湾・新竹市)

Ueki M. Ultrahigh-dimensional variable selection for genome-wide SNP-SNP interaction analysis. The 3rd Institute of Mathematical Statistics Asia Pacific Rim Meeting (招待講演) 2014年7月3日、ハワード インターナショナル ハウス(台湾・台北市)

中村智洋、道家暎幸、用量反応試験における交互作用検出のための逐次型多重比較法について、日本計算機統計学会第28回大会、2014年5月17日～5月18日、中央大学後楽園キャンパス(東京都文京区)

田宮元、ゲノム疫学研究のビッグデータ

解析における $p \gg n$ 問題とその対応、第24回日本疫学会学術総会(招待講演) 2014年1月25日、日立システムズホール仙台(仙台市青年文化センター; 宮城県仙台市)

中村智洋、山本義郎、道家暎幸、順序仮説に関する逐次型多重比較法の研究、日本計算機統計学会第27回シンポジウム、2013年11月16日、崇城大学ホール(熊本市民会館; 熊本県熊本市)

植木優夫、ゲノムワイド SNP-SNP 相互作用解析、2013年度統計関連学会連合大会、2013年9月10日、大阪大学豊中キャンパス(大阪府豊中市)

Ueki M, Tamiya G. Variable selection method for whole-genome gene-gene interaction analysis. Joint Meeting of the IASC Satellite Conference for the 59th ISI WSC and the 8th Conference of the Asian Regional Section(ARS) of the IASC (招待講演) 2013年8月22日、Yonsei University (韓国、ソウル)
Ueki M. Variable selection method for genome-wide SNP-SNP interaction analysis. 2nd International Symposium on Statistical Genetics (ISSG)(招待講演) 2013年8月21日、Seoul National University (韓国、ソウル)

{図書}(計1件)

田宮元、植木優夫、小森理、共立出版、ゲノム医学のための遺伝統計学、2015年、250ページ

{その他}

ホームページ等

<http://www.genetix-h.com/~AMERI/>

6. 研究組織

(1)研究代表者

田宮元 (TAMIYA, Gen)

東北大学・東北メディカル・メガバンク機構・教授

研究者番号: 10317745

(2)研究分担者

植木優夫 (UEKI, Masao)

久留米大学・バイオ統計センター・講師

研究者番号: 10515860

中村智洋 (NAKAMURA, Tomohiro)

東北大学・東北メディカル・メガバンク機構・助教

研究者番号: 30537923