

研究種目：特定領域研究

研究期間：2006～2009

課題番号：18079012

研究課題名（和文） 個別化医療の実現に向けた情報統計力学的理論構築及び手法開発  
Creation of the theory and development of procedures

研究課題名（英文） under the statistical mechanisms of information processing  
for individualized medicine

研究代表者

井上 真郷 (INOUE, Masato)

早稲田大学・理工学術院・准教授

研究者番号：70376953

研究分野：情報学

科研費の分科・細目：情報学・感性情報学・ソフトコンピューティング

キーワード：情報統計力学，確率的情報処理，個別化医療

### 1. 研究計画の概要

個別化医療(オーダーメイド医療)を実現するための情報統計力学的理論構築, 手法開発を行う. 特に, 患者の一塩基多型(SNP)データから haplotype 推定し, 集団での haplotype 頻度を構造解析・クラスタリングし, 治療効果との関連付けを行い, 最終結果を採取すべき SNP 座位へとフィードバックする理論・手法を構築開発し, 患者一人ひとりに応じた診療を行うことを技術的に可能とする道筋をつける. 何れの情報処理ステップも, データが高次元であるために従来の枠組みでは上手く扱えておらず, 情報統計力学的手法がブレークスルーになると期待される.

### 2. 研究の進捗状況

haplotype を推定する問題を研究している. 2008 年度には一塩基多型(SNP)データに基づく推定手法について英文論文が掲載された. また, 近年注目されつつあるコピー数多型(CNV)データについても同様の haplotype 推定が行える手法を開発し, 英文論文を執筆中である. また, 近似を用いると, この推定問題は統計力学的な二体相互作用モデルの基底状態を求める問題に置き換え可能であることを発見し, これを学会報告した. 推定精度は既に開発した手法に比べて劣るものの, 高速計算が可能な点は有用である. 今後, K 体相互作用モデルに一般化することで近似精度を任意に設定できるよう拡張を行う予定である.

Haplotype 推定に派生して生じた連鎖不平衡(LD)指標に関する研究は, 元になる SNP データに対して隠れ Markov モデルを構築し, EM アルゴリズムでの解法を考案した. しかし

ながら, この手法では最適解がなかなか求まらず, モデルの評価まで至らなかった. このため, より強力な探索手法である遺伝的アルゴリズム等の適用を模索している.

遺伝子と疾患との関連を見出す研究については, 多重検定と Fisher の正確確率検定を組み合わせることで, 従来用いられている近似手法に比して, 検定の有意度を表す p 値の正確な上界評価が可能であるというアイデアを考案した. 現在, これを実装中である.

これら以外に情報統計力学的な課題について, Bayes 推定を用いた画像修復課題について, 岡田真人教授との共同研究により英文論文掲載に至った. また, 適応的自然勾配法を特異モデルにおいても使えるようにする手法の開発については学会発表を行い, 現在英文論文を執筆中である. 低密度パリティ検査符号(LDPC)についての新しい解法についても樺島祥介教授との共同研究により学会発表を行い, 英文論文を投稿中である.

### 3. 現在までの達成度:

Haplotype 推定については, 手法の開発という意味では当初の目標は達成された. 遺伝子データと臨床データとの関連解析については, 基本アイデアを固めた.

### 4. 今後の研究の推進方策

Haplotype 推定に関しては, 背後にある統計力学的な理解を今後更に深める必要がある. また, 派生して生じた連鎖不平衡(LD)指標に関する問題は, 古くから未解決のため整理が必要だと感じている. 遺伝子疾患関連解析は, 今後, 高速に解を求めるアルゴリズム開発を行う.

5. 代表的な研究成果  
(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 7件)

[1] 千明裕, 進藤裕, 井上真郷  
2体結合モデルによる統計力学的ハプロタイプ推定  
電子情報通信学会技術研究報告, 108(480), 405-410, 2009. (査読無)

[2] Hiroyuki Shindo, Hiroshi Chigira, Junji Tanaka, Naoyuki Kamatani, Masato Inoue  
Grouping preprocess to accurately extend application of EM algorithm to haplotype inference  
Journal of Human Genetics, 53(8), 747-756, 2008. (査読有)

[3] Satohiro Tajima, Masato Inoue, Masato Okada  
Bayesian-Optimal Image Reconstruction for Translational-Symmetric Filters  
Journal of the Physical Society of Japan, 77(5), 054803, 2008. (査読有)

[4] Shinpei Hara, Yuta Akira, Eisuke Ishii, Masato Inoue, Masato Okada  
LDPC decoding dynamics from a PCA viewpoint  
Interdisciplinary Information Sciences, 13(1), 43-48, 2007. (査読有)

[5] Masato Inoue, Koji Hukushima, Masato Okada  
Analysis method combining Monte Carlo simulation and principal component analysis -- application to Sours code  
Journal of the Physical Society of Japan, 75(8), 084003, 2006. (査読有)

[学会発表](計 9件)

[1] 千明裕, 進藤裕之, 井上真郷  
2体結合モデルによる統計力学的ハプロタイプ推定  
電子情報通信学会ニューロコンピューティング研究会, 3/2009, 東京.

[2] 田村健一, 小宮美穂, 井上真郷, 樺島祥介  
Bowman-Levin法を用いたLDPC復号  
第11回情報論的学習理論ワークショップ (IBIS2008), 10/2008, 仙台.

[3] 西村佳也, 井上真郷  
適応的自然勾配法の特異モデル学習への適

用  
電子情報通信学会ニューロコンピューティング研究会, 6/2008, 沖縄.

[4] 進藤裕之, 千明裕, 田中順治, 鎌谷直之, 井上真郷  
haplotype推定における指数関数の計算量を削減するためのグルーピング前処理  
日本人類遺伝学会第52回大会, 9/2007, 東京.

[5] 橋口友美, 井上真郷, 岡田真人  
畳み込みフィルタ出力を考慮した画像修復  
日本物理学会2007年春季大会, 3/2007, 鹿児島.

[その他]

ソフトウェア公開  
HaploBorder (SNPデータよりhaplotypeを推定するソフトウェア)  
[http://www.eb.waseda.ac.jp/m\\_inoue/downloads/](http://www.eb.waseda.ac.jp/m_inoue/downloads/)

