

分野名: ライフ

オーダーメイド医療実現のための 統計的有意差の検証

- プログラム名: MLTest
- 開発
 - 東京女子医科大学 教授 鎌谷直之
- 概要
 - 集団のハプロタイプ頻度をもとに、二つのグループにハプロタイプを分配する各々のパターンの生成確率を計算。
 - 第一種過誤率を厳密に計算。
- アルゴリズム
 - 確率論に基づき、各パターンの生成確率を算出
 - C および MPI
 - 各分配パターンの生成確率を各ノードで並列計算
- 現状での計算規模
 - ハプロタイプ本数 5 本
 - グループの人数はそれぞれ 50人
 - Xeon 3.0GHz × 128 CPUで 1 日
- 次世代スパコンでの計算規模
 - 実際の疾患関連遺伝子探索研究で行われているサイズで計算
 - グループの人数は 100~1000 人

$$P = \left[\sum_{k_1=0}^{2n} \sum_{k_2=0}^{2n-k_1} \dots \sum_{k_k=0}^{2n-k_1-k_2-\dots-k_{k-1}} {}^{2n}C_{k_1} {}^{2n-k_1}C_{k_2} \dots {}^{2n-k_1-k_2-\dots-k_{k-2}}C_{k_{k-1}} \right. \\ \left. \times h_1^{k_1} h_2^{k_2} \dots h_{k-1}^{k_{k-1}} h_k^{k_k} \right] \\ \times \left[\sum_{k_1=0}^{2m} \sum_{k_2=0}^{2m-k_1} \dots \sum_{k_k=0}^{2m-k_1-k_2-\dots-k_{k-1}} {}^{2m}C_{k_1} {}^{2m-k_1}C_{k_2} \dots {}^{2m-k_1-k_2-\dots-k_{k-2}}C_{k_{k-1}} \right. \\ \left. \times h_1^{k_1} h_2^{k_2} \dots h_{k-1}^{k_{k-1}} h_k^{k_k} \right] \\ \times f(h_1, h_2, \dots, h_k)$$

厳密な第一種過誤率

- どんないことが期待されるか？
 - 第一種過誤率を正確に算出することによる、疾患関連遺伝子発見の促進・精度向上
 - 個人の遺伝子型により、薬剤の副作用のある・なしなどを確率として判断するオーダーメイド医療を実現

