

講義日:10月18日(火) ゲノム情報からの生命現象・病理現象の統計解析

講師:京都大学大学院 医学研究科附属ゲノム医学センター 統計遺伝学 教授 山田 亮

質問事項	回答
<p>質問者: 大学関係者 Jeffreys priorの根拠についてもう少し教えてください。</p>	<p>事前分布はパラメタの取り方を変えて表現することができます。あるパラメタの取り方をしたときに一様分布であるような分布は、別のパラメタの取り方をすると一様分布にはなりません。 そんなときにJeffreys priorというのは、推定するものの真実がいくつであれ、観測数が同じであればそれによって『信頼区間が同程度に狭まる』ような作りになっています。</p> <p>また、そのことと関係しますが、確率分布を考えるとときにフィッシャー情報量が何がしかの意味を持つことがあります。Jeffreys priorはフィッシャー情報量を反映しているという意味で、自由にとれるパラメタの取り方のうちで、それなりに確たる位置を占めると言えます。</p> <p>以下の拙文が参考になればと思います。</p> <p>http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20160514</p>
<p>質問者: 研究所勤務 p値の説明で、p値は(モデルを仮定しないと?)一様分布なので、2条件間で100個の遺伝子発現の増減を比較するときはp値の評価を1/100にまで下げたところで行う(0.05を有意水準としたいならば、0.0005を評価基準としなければならない)とのお話だったと理解しました。</p> <p>私は以前、多水準の分散分析の水準間の有意差検定で、厳しすぎるボンフェローニの補正ではなく、ライアンの方法を適用できると教わりました。100個の同時測定した遺伝子発現の場合でも、似たような考え方を導入できないのでしょうか？</p> <p>一番p値が小さい遺伝子は0.0005を基準として評価し、100番目にp値が小さい遺伝子は0.05を基準とすることは無理があるのでしょうか？</p> <p>仮にそれが可能だった場合に、n番目にp値が小さい遺伝子でそのp値が$0.05/(100-n+1)$より大きくなってしまったら、n+1番目以降の有意水準を評価してはいけませんか？</p> <p>説明のあるURLなどでもかまいませんので教えていただけないでしょうか？</p>	<p>ライアン補正は、k群の比較をするにあたって、k群をペアワイズで比べるのを繰り返して、$k(k-1)/2$通りの比較をするときにその場合の数を考慮してボンフェローニするのではなく、そもそも全体で違いがあるかを検定した上で、それが有意だったときに、その群を順番に並べてそのどこで区切ることで、全体の違いがもたらされているのかを調べよう、そうすることで、検定数を減らそうという手法だったかと思います(うろ覚えです)。</p> <p>http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/lecture/Hiritu/Pmul-Ryan.html</p> <p>何かしらの理由をもちこんで検定数を減らす、というのは、良い作戦です。一昨日の講義では、そのような作戦が使えない場合の話でした。</p> <p>ご質問の後半ですが、1番目に小さいpの評価とk番目に小さいpの評価を変えよう、というやり方は良い考えです。講義では話していませんでしたが、FDRでは何番目に小さいp値なのかを勘案しています。</p> <p>http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20140208/1391856648 が多少、参考になるかもしれません。</p>