

統計・情報技術を駆使した ゲノム多型と表現型多様性の連関解析システムの開発

1. プロジェクトディレクター

城石 俊彦

2. 共同研究者名

[国立遺伝学研究所] 倉田のり、小原雄治、小出剛、田村勝、伊藤幸博、高田豊行、
春島嘉章、堀内陽子、岡彩子、前野哲輝、館野義男、
細谷正樹（総研大）、西明紀（総研大）

[統計数理研究所] 樋口知之、江口真透、土谷隆、田村義保、種村正美、
福水健次、池田思朗、栗木哲、藤澤洋徳、川崎能典、
鄭澤宇（総研大）、川喜田雅則（総研大）

[国立情報学研究所] 佐藤真一、北本朝展、藤山秋佐夫

[新潟大学医学部] 木南凌

[東京都精神医学総合研究所] 池田和隆

3. サブテーマの構成

平成 17 年は、サブテーマの構成を取らず、全体を一つのテーマとして研究を実施した。

4. 平成 17 年度の研究の進捗と成果

ゲノム多型と表現型多様性の関連づけによるゲノム機能と遺伝子間相互作用の解明のために、主に以下の二つの項目について研究を実施した。(1)表現型多様性データの数値計測システムの開発、(2)ゲノム多型と表現型多様性を関連づけるための統計データ解析システムの開発。各項目についての主な成果を概略する。(1)i.形態多様性解析として、マウス下顎骨の画像データについてP型フーリエ記述子を用いた形態数値化とそれを用いた主成分分析が系統間の多様性解析に有効であることを示した。ii.X線CT値による分析において、マウス内蔵脂肪と皮下脂肪を自動的に判別して各脂肪量を定量化するためのソフトウェアの開発に着手した。iii.マウス行動パターンの内、社会行動と自発活動の日周期変動について、客観的な数値計測化とモデルによるシミュレーションを行った。(2)i.遺伝的距離のある生物系統において、一方の系統のゲノムDNAのプロープセットを用いたマイクロアレイの統計解析についての検討を行い、SNP由来の見せかけのシグナル強度を判定するための方法論を検討した。ii.イネ生殖隔離障壁を引き起こす遺伝子座間相互作用検出のため、検定統計量の相関構造の特定とそれに基づいた多重性の調整の方法について検討した。iii.新しいQTL解析の開発とその有効性の検証を行うためのマウスF2交配による実験データの生産を行った。