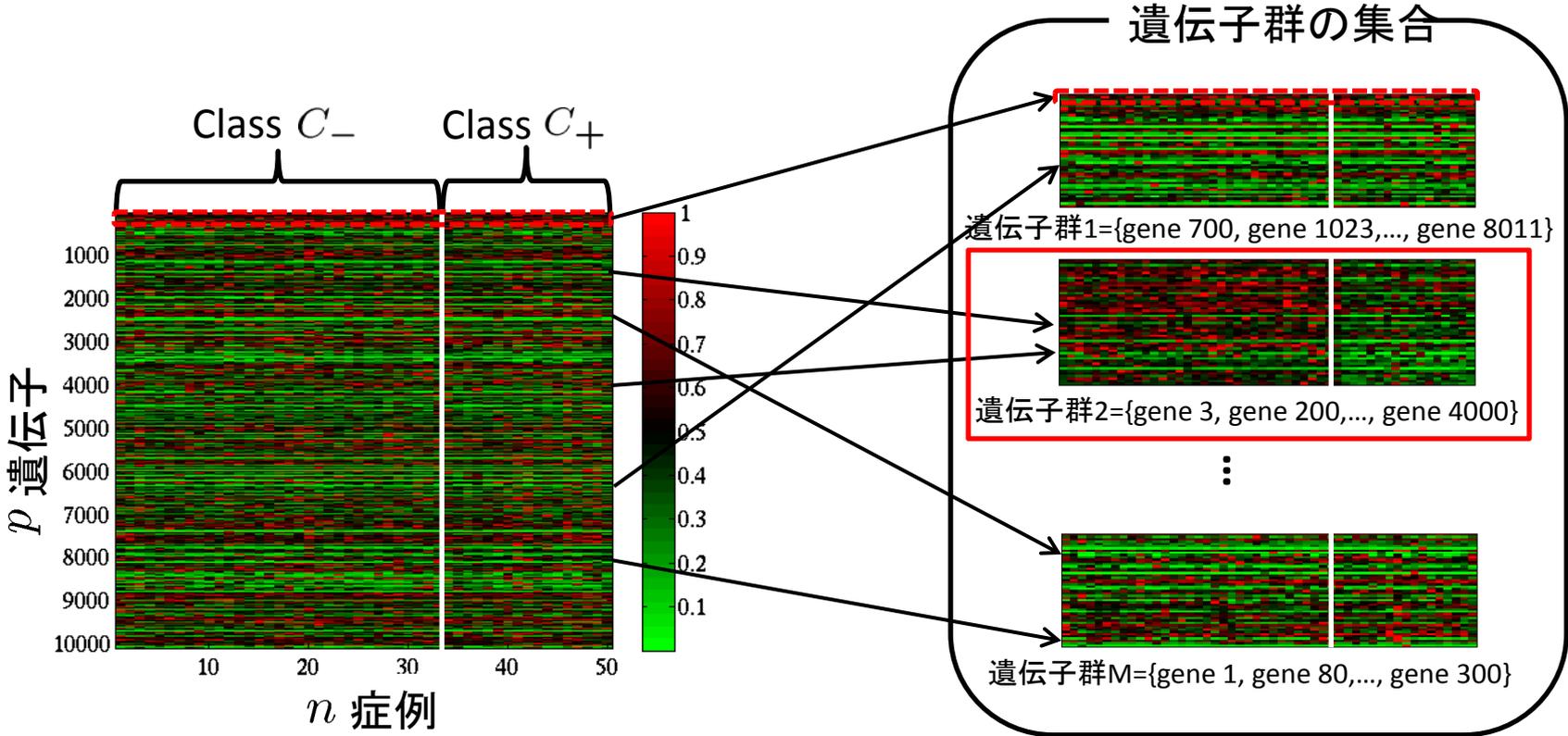


# P5-8 MSTに基づくSVMパス追跡を用いた多重多変量2標本検定による 遺伝子群解析に関する一考察

石川勇太, 磯部浩太, 烏山昌幸, 泉泰介, 竹内一郎

名古屋工業大学, {ishikawa,isobe,krsym}@goat.ics.nitech.ac.jp, {takeuchi.ichiro,t-izumi}.nitech.ac.jp

## SVM分類誤差統計量を用いた多重多変量2標本検定 による遺伝子群解析



# アプローチとキーワード

## 遺伝子群解析

複数の**遺伝子群**のうち、2標本に差異のある遺伝子群を同定

**SVM分類誤差**を検定統計量とした**多重多変量2標本検定**によるアプローチ

### 問題点

複数遺伝子群の同時検定による多重検定，分類誤差統計量の帰無分布が未知

**ラベル並べ替え検定**により対処

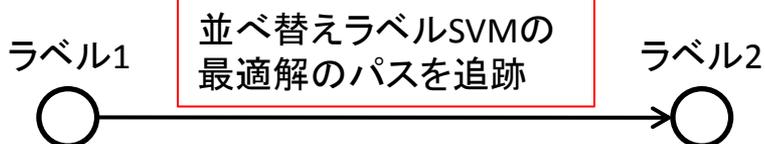


### 問題点

多数の並べ替えラベルに対するSVM学習の計算コスト  
2つのテクニックの組み合わせにより対処

### 1. パス追跡

による最適解の効率的学習



### 2. 最小全域木(MST)スケジューリング

を用いたパス追跡効率化

