

簡易的検出力シミュレーションソフトウェア



操作マニュアル

Version. 1.0

平成 26 年 3 月 5 日

株式会社スタージェン 遺伝統計解析事業部

目次

1	ソフトウェアの概要	3
2	システム要件	3
3	ソフトウェアのインストール	3
4	操作方法	3
4. 1	起動	4
4. 2	操作	4
4. 2. 1	Prospective power	4
4. 2. 2	Sample size simulation	6
4. 2. 3	Retrospective power	7
5	お問い合わせ	8

1 ソフトウェアの概要

検出力シミュレーションソフトウェア GDesign^{Mini}（ジーデザインミニ、以下 GDesign）は、ケース・コントロール研究の検出力を推定するソフトウェアです。本ソフトウェアの主な機能は次の通りです。

- (1). ケース群とコントロール群のサンプルサイズ、想定される関連性の強さ（オッズ比）、アレル頻度、遺伝継承様式、有意水準から検出力を推定します。
- (2). 期待する検出力に対して必要なサンプルサイズを推定することができます。
- (3). ケース・コントロール研究の結果を Contingency table として入力すると事後検出力を計算することができます。

2 システム要件

本ソフトウェアをインストールするためには、次の要件を満たしている必要があります。

OS	Microsoft Windows XP・Vista・7・8 のいずれかのオペレーティングシステム
メモリ	1GB 以上の実装メモリ（2GB 以上を推奨）
HDD	インストールディスクに 20MB 以上の空き領域
ディスプレイ解像度	1,366×768 ドット以上/256 色以上の表示が可能なディスプレイ
その他	マウス等のポインティングデバイス/キーボード等の入力デバイス

3 ソフトウェアのインストール

インストールツール不要のソフトウェアです。「GDesignMini」フォルダを好みの場所に置くだけで結構です。

4 操作方法

GDesign は「Prospective power」「Sample size simulation」「Retrospective power」の 3 つの計算画面で構成されます。

(A) Prospective power	(B) Sample size simulation	(C) Retrospective power

図 1：画面全体図。3つの計算画面で構成される。

4. 1 起動

「GDesignMini」フォルダを開き、「Gdesign_mini.bat」をダブルクリックして GDesign を起動すると、「Prospective power」の画面が表示されます。

4. 2 操作

4. 2. 1 Prospective power

実験前の検出力シミュレーションに利用します。

	<table border="1"> <thead> <tr> <th>番号</th><th>詳細</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>①</td><td>ケース群のサンプルサイズ</td></tr> <tr> <td>②</td><td>コントロール群のサンプルサイズ</td></tr> <tr> <td>③</td><td>オッズ比</td></tr> <tr> <td>④</td><td>Minor Allele Frequency</td></tr> <tr> <td>⑤</td><td>有意水準</td></tr> <tr> <td>⑥</td><td>遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較の選択。Dominant, Recessive, Trend, Allele のいずれかを選択する。</td></tr> <tr> <td>⑦</td><td>計算実行ボタン</td></tr> <tr> <td>⑧</td><td>推定された検出力</td></tr> <tr> <td>⑨</td><td>入力・出力値をクリア</td></tr> </tbody> </table>	番号	詳細	①	ケース群のサンプルサイズ	②	コントロール群のサンプルサイズ	③	オッズ比	④	Minor Allele Frequency	⑤	有意水準	⑥	遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較の選択。Dominant, Recessive, Trend, Allele のいずれかを選択する。	⑦	計算実行ボタン	⑧	推定された検出力	⑨	入力・出力値をクリア
番号	詳細																				
①	ケース群のサンプルサイズ																				
②	コントロール群のサンプルサイズ																				
③	オッズ比																				
④	Minor Allele Frequency																				
⑤	有意水準																				
⑥	遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較の選択。Dominant, Recessive, Trend, Allele のいずれかを選択する。																				
⑦	計算実行ボタン																				
⑧	推定された検出力																				
⑨	入力・出力値をクリア																				

サンプルサイズ

想定する研究のケース群、コントロール群のサンプルサイズを入力します。1 以上の値を入力することができます。

オッズ比

想定される関連性の強さをオッズ比として入力します。

MAF

解析対象となる SNP の MAF を入力します。0.5 以下の正の値を入力することができます。底が 10 である指数表記（例：0.005 ならば $5e-3$ ）の入力も可能です。

有意水準

有意水準を入力します。底が 10 である指数表記も可能です。

遺伝継承様式の選択

遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較を選択します：

- 優性様式ならば Dominant
- 劣性様式ならば Recessive
- 傾向性様式ならば Trend
- アレル頻度比較ならば Allele

実行

Go ボタンを押すと、設定した条件の下での検出力が表示されます。

クリア

Clear ボタンを押すと、入力した条件や出力された検出力をクリアします。



4. 2. 2 Sample size simulation

期待する検出力を達成するために必要なサンプルサイズを推定します。推定されるサンプルサイズはケース群、あるいはコントロール群のどちらか一方です。

番号	詳細
①	ケース群・コントロール群のどちらを固定するかその選択ケース群のサンプルサイズを固定してコントロール群のサンプルサイズを推定した場合は「Case」、そうでない場合は「Control」を選択する。
②	①で固定された群のサンプルサイズ
③	検出力
④	オッズ比
⑤	Minor Allele Frequency
⑥	有意水準
⑦	遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較の選択。Dominant, Recessive, Trend, Allele のいずれかを選択する。
⑧	計算実行ボタン
⑨	推定されたサンプルサイズ
⑩	入力・出力値をクリア

サンプルサイズ

ケース群あるいはコントロール群のいずれかのサンプルサイズを固定して、そのサンプルサイズ値を入力します。1 以上の値を入力することができます。

検出力

期待する検出力を 0 から 1 の間の値で入力します。底が 10 である指数表記の入力も可能です。

オッズ比

想定される関連性の強さをオッズ比として入力します。

MAF

解析対象となる SNP の MAF を入力します。0.5 以下の正の値を入力することができます。底が 10 である指数表記の入力も可能です。

有意水準

有意水準を入力します。底が 10 である指数表記も可能です。

遺伝継承様式の選択

遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較を選択します：

- 優性様式ならば Dominant
- 劣性様式ならば Recessive
- 傾向性様式ならば Trend
- アレル頻度比較ならば Allele

実行

Go ボタンを押すと、検出力を達成するために必要な最低サンプルサイズが表示されます。推定値が 100,000 個体を超える場合には「>100000」と表示されます。

クリア

Clear ボタンを押すと、入力した条件や出力された検出力をクリアします。

4. 2. 3 Retrospective power

得られた研究結果から事後検出力を推定することができます。

番号	詳細
①	ケース・コントロール研究で得られた観測結果を Contingency table として入力します。
②	有意水準
③	遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較の選択。 Dominant, Recessive, Trend, Allele のいずれかを選択する。
④	計算実行ボタン
⑤	推定された検出力
⑥	入力・出力値をクリア

Contingency table

ケース・コントロール研究で得られた観測結果を Contingency table として入力します。a をマイナーアレル、A をメジャーアレルとし、a/a, a/A, A/A の遺伝型度数をケース群、コントロール群にそれぞれ入力します。それぞれのセルには 0 以上の値を入力します。

有意水準

有意水準を入力します。底が 10 である指数表記も可能です。

遺伝継承様式の選択

遺伝継承様式、あるいはアレル頻度比較を選択します：

- 優性様式ならば Dominant
- 劣性様式ならば Recessive
- 傾向性様式ならば Trend
- アレル頻度比較ならば Allele

実行

Go ボタンを押すと、推定された検出力を表示します。検出力が 0.00001 未満の場合は <0.00001 と表示されます。

クリア

Clear ボタンを押すと、入力した条件や出力された検出力をクリアします。

5 お問い合わせ

本ソフトウェアに関するご意見やご質問がございましたらお寄せください。特に、バグの報告、新しい機能の要望などお待ちしております。

株式会社ステージン 遺伝統計解析事業部

東京都台東区蔵前 4-11-6 KUGA ビル 8F

TEL: (03) 5835-2137/2138, E-Mail: info@stagen.co.jp

以上