

## 11. メタ解析

### 11.1 はじめに

これまでの章で紹介したように、SNPを用いた関連解析はありふれた疾患の感受性遺伝子同定において強力なツールとなる。2000年代には、大規模なゲノムプロジェクトによって蓄積されたヒト集団に存在する多型情報を利用し、疾患感受性SNP同定に向けた関連解析が多数報告された。[疾患感受性遺伝子座同定](#)を主張する論文がトップジャーナルに華々しく報告される一方で、独立した異なる集団を用いた再現実験（replication study）では有意な関連が得られないという問題が大きく取り上げられ、遺伝的関連解析の信頼性向上が求められた（[No authors listed 1999](#)）。SNPと疾患の関連について、複数の独立した集団で関連解析が行われ、それらの結果に不一致が認められる場合において、個々の研究結果を量的に統合し、統計的推論を可能にする方法として、メタ解析が遺伝的関連解析の分野に導入された。近年、メタ解析はゲノムワイド関連解析（GWAS）において[検出力](#)を高めるために不可欠な方法として利用されている。本章では遺伝的関連解析におけるメタ解析について、背景および統計理論を概説したい。