

# ОСНОВЫ БИОСТАТИСТИКИ

Александр Владимирович Рубанович

зав. лаб. экологической генетики ИОГен РАН

[rubanovich@vigg.ru](mailto:rubanovich@vigg.ru)

тел. (499) 132-8958

# Темы для обсуждения

- Оценка ассоциаций «генотип-фенотип» и их значимости
- Факторы, влияющие на значимость оценок
- Объединение выборок и метаисследования
- Учет множественности сравнений

# Выявление ассоциаций «генотип-фенотип»: минимальный набор действий

- Фенотип (на

Кроме этого в обоих случаях можно строить различные регрессионные модели: Зависимая переменная – признак (фенотип), независимыми переменными – генотипы. Например так: A/A - 0, A/T - 1, T/T - 2

- Фенотип - количественный признак (например: вес, содержание кальция, частота aberrаций)



Вычисляем средние значения признака для разных генотипов; значимость по критерию Манна-Уитни

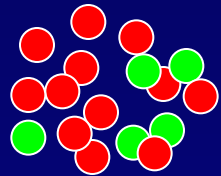
# OR – количественная мера предрасположенности (**O**dd **R**atio)

OR – неперенный атрибут «**case-control association study**»  
(выявление «генов предрасположенности» к заболеванию  
путем сопоставлений частот генотипов у больных и здоровых)

OR показывает во сколько раз повышена вероятность  
заболеть для носителя «плохого» генотипа

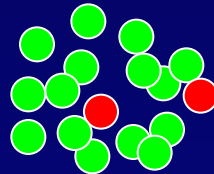
Группа больных

Контроль (здоровые)



$P_{\text{больные}}$

$\gg$



$P_{\text{контроль}}$



● - генотип,  
указывающий на  
предрасположенность  
к заболеванию

$$OR = \frac{P_{\text{больные}} (1 - P_{\text{контроль}})}{P_{\text{контроль}} (1 - P_{\text{больные}})}$$

OR > 1 – генотип связан с болезнью

OR = 1 – нет связи между генотипом и болезнью

OR < 1 – протективный генотип

# Soft для вычисления OR и проведения метаисследований

WinPepi Portal (2010) - computer programs for epidemiologists



Free!

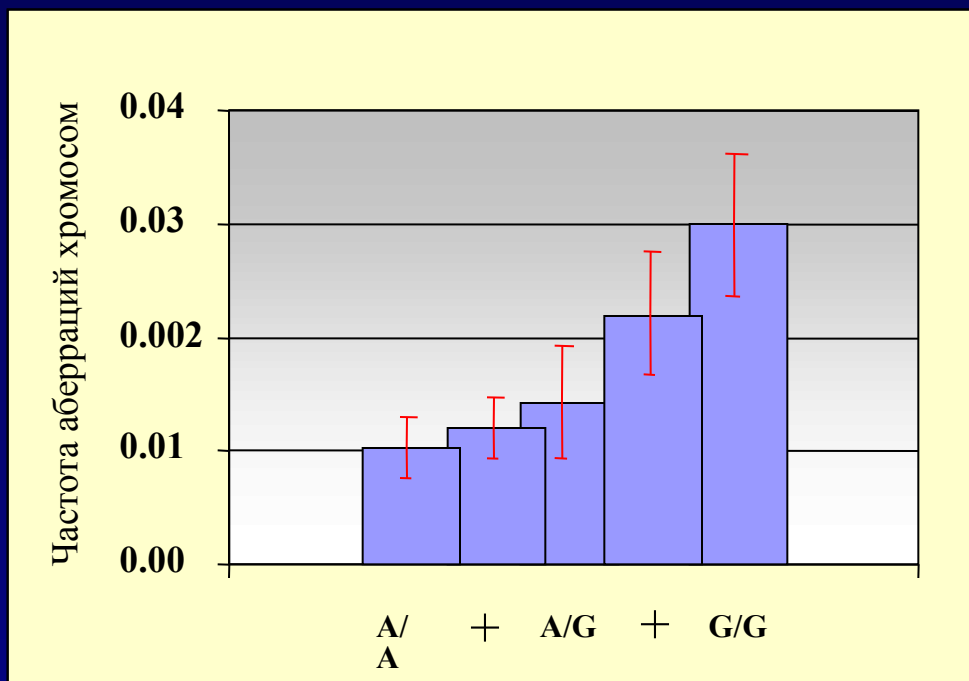


30 дней

# Статистический анализ сопряженности генотипов и количественных признаков

- Самое простое и необходимое: вычисление средних значений признака для носителей различных генотипов. Далее сравнение по непараметрическому тесту

Обычно стараются рассмотреть две группы



Гомозигота по ~~рецессивной~~ мажорному аллелю

дель

Доминантная форма

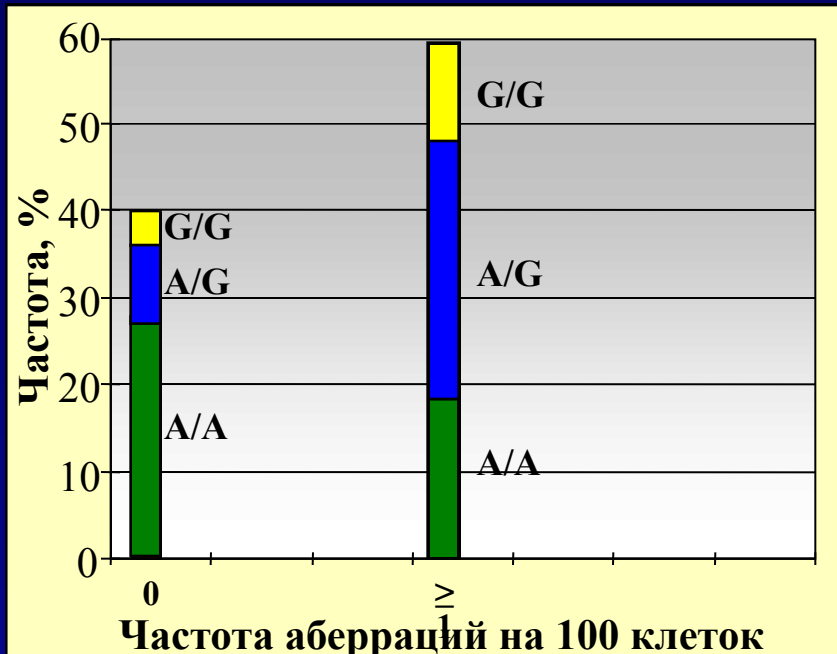
Гомозигота по минорному аллелю

# Статистический анализ сопряженности генотипов и количественных признаков

- Самое простое и необходимое: вычисление средних значений и дисперсий для каждого генотипа. Далее сравнение средних значений (не по Стрессу)

Далее вычисляется OR и значимость по точному критерию Фишера. В данном примере риск возникновения aberrаций у носителей минорного аллеля G равен  $OR=2,1$  и  $p=0,015$

- Сравнение частот генотипов для групп с низким (или высоким) значением признака



# Статистический анализ сопряженности генотипов и количественных признаков

- Самое простое и необходимое: вычисление средних значений признака для носителей различных генотипов. Далее сравнение по непараметрическому тесту (не по Стьюденту!)

- С зависимой переменной (признаком  $(p)$ ) и независимыми переменными (генотипами  $(x_i)$ ) можно использовать логистическую (или Пуассоновскую) регрессию. Например так: А/А - 0, А/Т - 1, Т/Т - 2

- Логистическая и пуассоновская регрессии

$$p = \frac{1}{1 + e^{a_1 x_1 + \dots + a_n x_n}}$$

$p$  – частота aberrаций  
 $x_i$  – генотип  $i$ -го локуса  
 $a_i$  – коэф. регрессии

Для логистической регрессии  $a_i = \ln(\text{OR}_i)$

$$p = e^{a_0 + a_1 x_1 + \dots + a_n x_n}$$



# Soft для работы с генотипами и гаплотипами

## WinStat for Excel

Microsoft Excel - Brain\_счет

Файл Правка Вид Вставка Формат Сервис Данные Окно Справка

Statistics Graphics Data Help

H6

Variable: GSTT1  
grouped by: Code-all

	Frequency	Percent	Cumulative Percent
Контроль	267	62.24	62.24
del/del	45	16.85	16.85
ins/del	222	83.15	100.00
Раки	162	37.76	100.00
del/del	42	25.93	25.93
ins/del	120	74.07	100.00

OR=1.73  
p=0.0261

Relative frequency (%)

del/del ins/del

GSTT1

Контроль  
Раки

1 variable plus grouping variable

Variable: MTHFR C677T

Grouping variable: Code

1 to N variables of the same type

Template: Standard

OK Cancel

Free!

Free!

# Темы для обсуждения

- Оценка ассоциаций «генотип-фенотип» и их значимости
- Факторы, влияющие на значимость оценок
- Объединение выборок и метаисследования
- Учет множественности сравнений

# Чуть-чуть об ошибках статистических тестов

Нулевая  
различия

Традиционно биолог ориентирован на контроль  
ошибки I рода (через уровень значимости),  
т.е. на гарантии отсутствия ложных открытий,

и  
ости

## Ошибка I рода ( $\alpha$ )

Вероятность отвергнуть правильную нулевую гипотезу =  
Вероятность обнаружить различия там, где их нет = **Вероятность совершить фальшивое открытие**



## Ошибка II рода ( $\beta$ )

Вероятность принять неправильную нулевую гипотезу =  
Вероятность не обнаружить существующие различия =  
**Вероятность упустить открытие**



Мощно  
Вероятн  
Вероятн

... и при этом мало заботится о возможности  
упустить открытие (ошибка II рода)

# От чего зависят ошибки статистических тестов?

❑ От размаха реально существующих отличий и разброса данных

❑ От объемов выборок

Ошибка I рода (вероятность фальшивого открытия)

слабо зависит от объемов выборок,  
если они сравнимы по величине

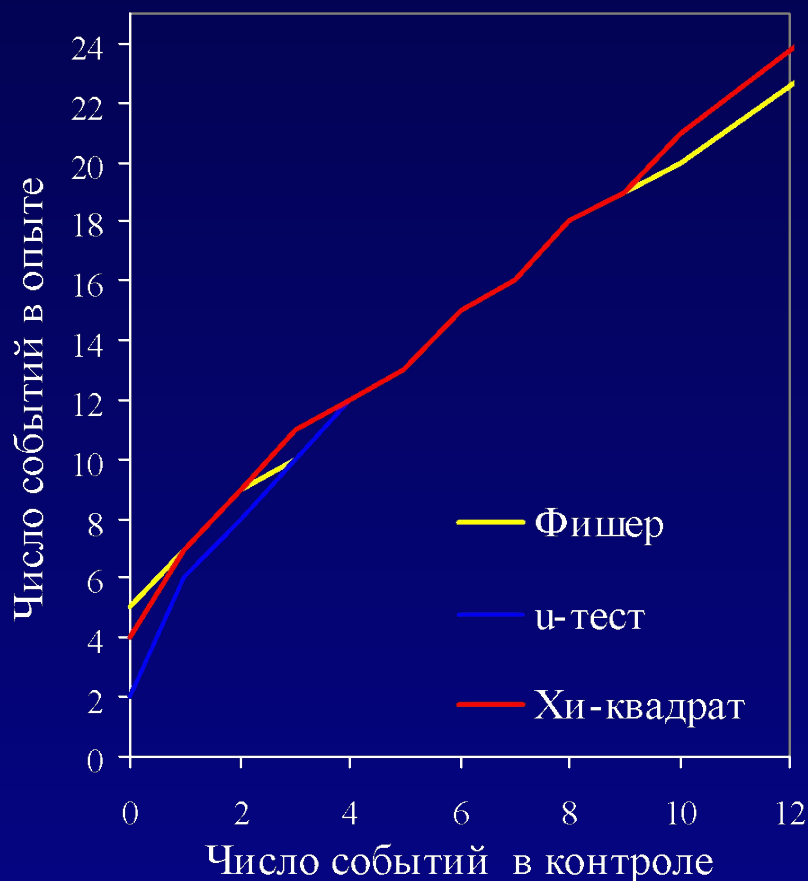
Крайний случай:

«критерий» св. Фомы Неверующего (0033)

Ошибка I рода = 0  $\Leftrightarrow$  Ошибка II рода = 1

# Сравнение частот при уровне значимости 0.05

Объемы выборок в опыте и контроле одинаковы



Число событий в контроле	Минимальное число событий в опыте при значимом отличии от контроля		
	Стьюдент	$\chi^2$	Фишер
0	2	4	5
1	6	7	7
2	8	9	9
3	10	11	11
4	12	13	13
5	14	15	15
6	15	15	15
7	16	16	16
8	18	18	18
9	19	19	19
10	21	21	20
20	35	35	33
30	47	47	46

больше 5  
независимо от объемов выборок  
(100 или 1000)

# Темы для обсуждения

- Оценка ассоциаций «генотип-фенотип» и их значимости
- Факторы, влияющие на значимость оценок
- Объединение выборок и метаисследования
- Учет множественности сравнений

# Проверка однородности материала и вычисление OR для нескольких выборок

## □ Индекс рассеяния для биномиальных выборок

Можно ли объединить  $k$  независимых выборок и оценить частоту как

$$\bar{p} = \frac{\sum n_i}{\sum N_i}$$

Объем выборки	Число мутаций	Частота
$N_1$	$n_1$	$p_1$
$N_2$	$n_2$	$p_2$
....	....	....
$N_k$	$n_k$	$p_k$

Выборки можно объединять, если

$$\frac{\sum_i N_i (p_i - \bar{p})^2}{\bar{p}} < 2k$$

## □ Mantel-Haenszel test



# Mantel-Haenszel test

Comparison of two proportions or odds

[Back to "Comparison of..." menu](#)

Analyzes any simple  $2 \times 2$  contingency table.

Check here for equivalence tests.  Include missing data in analysis.

The group  
For each

A:

B:

Stratified  
strata hav

Comparison of two proportions or odds

[Back to "Comparison of..." menu](#)

Proportions (of "Yes"): A, 0.1000 B, 0.2200  
If inverse sampling was used,

Exact tests:

Fisher's P:

One-tailed

Two-tailed

Double one-tail

Mid-P:

One-tailed

Two-tailed

Double one-tail

Overall's c

One-tailed

Two-tailed

Double one-tail

[New data](#)

Comparison of two proportions or odds

**Stratum 2**

[Back to "Comparison of..." menu](#)

Proportions (of "Yes"): A, 0.0674 B, 0.1429  
If inverse sampling was used,  
see results at end of output

Exact tests:

Fisher's P:

One-tailed:

Two-tailed:

Double one-tail

Mid-P:

One-tailed:

Two-tailed:

Double one-tail

Overall's continu

One-tailed:

Two-tailed:

Double one-tail

[New data](#)

Comparison of two proportions or odds

**Strata 1 to 2 combined**

[Back to "Comparison of..." menu](#)

Значимость  
гетерогенности  
выборок

Вычисление OR для  
совокупности выборок

Unadjusted odds ratio

Heterogeneity of odds ratios:

chi-sq (DF: 1) = 0.02 P = 0.888

Heterogeneity index (Higgins & Thompson's H):

H = 1.0

[A value above 1.5 suggests notable heterogeneity.]

Proportion of variation attributable to

heterogeneity (Higgins & Thompson's I-squared):

I-squared = 0.0%

Use scroll-bar or <PgDn> or <PgUp> to see other results.

[New data](#)

[Next stratum](#)

[All strata](#)

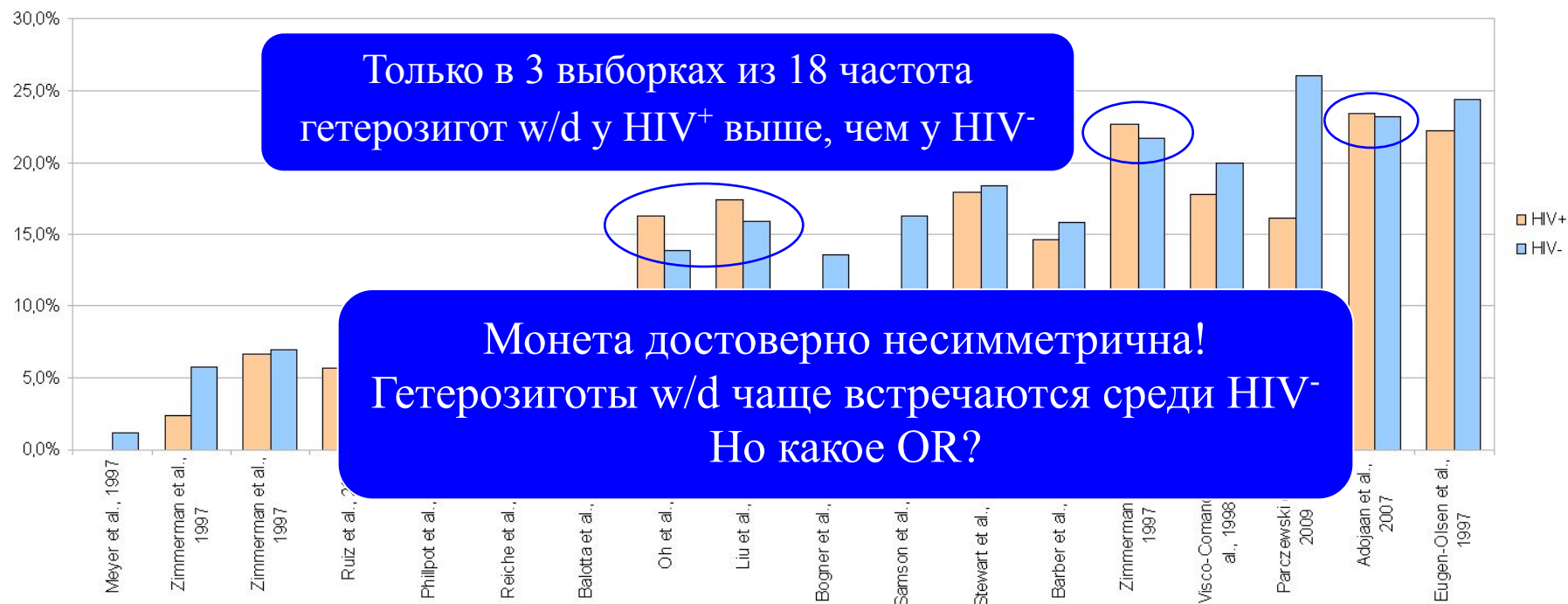
[Print](#)



# Объединение выборок с неизвестными частотами

Если это принять за 4-ое превышение, то  $p=0.015$

частота гетерозигот в выборках HIV+ и HIV-



Если ассоциации нет, то случаи «больше-меньше» должны появляться с вероятностью  $\frac{1}{2}$

Вероятность выпадения 3 (и менее) орлов в 18 бросаниях монеты равна

$$p = C_{18}^3 \left(\frac{1}{2}\right)^{18} + C_{18}^2 \left(\frac{1}{2}\right)^{18} + C_{18}^1 \left(\frac{1}{2}\right)^{18} + C_{18}^0 \left(\frac{1}{2}\right)^{18} \approx 0.0038$$

Мета-анализ	OR	RR = $f_+ / f_-$	$\Delta f = f_- - f_+$
Mantel-Haenszel оценка	0.87 (1.15)	0.887	0.016
Unadjusted оценка (по всем данным)	0.78	0.801	0.027
95%-довер. интервал	0.77 - 0.97	0.81 - 0.98	0.007-0.023
Значимость гетерогенности ( <i>p</i> )	0.131	0.236	0.451
Число «null»-статей (OR=1) для ликвидации значимости	7	2	-
Значимость корреляции объемов выборок и эффектов (д.б. > 0.1 )	0.188 (Regression asymmetry test, Egger) 0.211 (Adjusted rank correlation, Begg&Mazumdar):		
Итоговая значимость различий (Fisher's two-tailed)	0.014		

# Темы для обсуждения

- Оценка ассоциаций «генотип-фенотип» и их значимости
- Факторы, влияющие на значимость оценок
- Объединение выборок и метаисследования
- Учет множественности сравнений

# Генерируем две одноклассовые выборки

## Наблюдаем проявление фенотипов в популяции

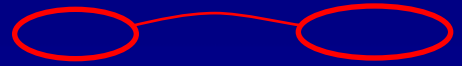
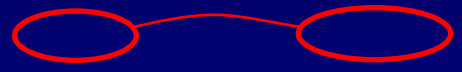
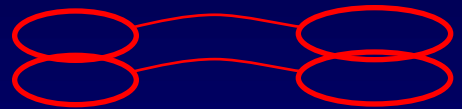
0.05

Частоты минорных аллелей (в среднем 0.1)

Ген	Больные	Здоровые
1	7	8
2	10	2
3	17	5
4	13	12
5	12	11
6	7	10
7	10	12
8	14	9
9	14	8
10	9	12
11	13	9
12	9	14
13	10	13
14	8	8
15	14	12
16	17	7
17	11	13
18	10	8
19	16	10
20	12	8

4

OR  $p$



Должно быть OR=1

Значим

Сразу 3 локуса «ассоциированы» с заболеваемостью!

# Как избежать фальшивых открытий?

## ❑ Правило Карло Бонферрони (1935):

При проведение  $m$  независимых статистических тестов значимы только те результаты, для которых

$$p < \frac{0.05}{m}$$

## ❑ **F**alse **D**iscovery **R**ate control: **FDR** - контроль

## ❑ **P**ermutation test

(компьютерная перестановка лэйблов «case-control»)

# Зависимость ошибки II рода от числа тестов (SNP)

При 100 сравнениях ради того, чтобы гарантировать отсутствие хотя бы одного ложного результата, мы упускаем 88% открытий!



# Новый принцип проверки статистических гипотез: FDR-контроль

False Discovery Rate control: Benjamini, Hochberg (1995)

Вероятность хотя бы одного  
фальшивого открытия < Уровня значимости  
Ошибка I рода < 0.05

Традиционный принцип  
заменяется на



105 статей в



Средняя доля фальшивых открытий < Выбранный уровень

$$E\left(\frac{\text{Число неправильно отвергнутых нулевых гипотез}}{\text{Число отвергнутых нулевых гипотез}}\right) < 0.05$$

# Пример: множественные сравнения по 10 тестам

Тест	$p_i$	Корр Bonf	
1	0,001	0,005	0,005
2	0,0055	0,005	0,010
3			0,015
4			0,020
5			0,025
6			0,030
7	0,3		
8			
9			
10	0,8	0,005	0,050

Располагаем тесты в порядке увеличения  $p_i$

Значимые различия после коррекции по FDR

В первой клетке —  
во второй клетке —  
втрое больше  
и т.д. ....

Поправка Бонферрони  
оставляет значимым лишь  
первое сравнение

И это все!!!

Для 6-ого  
ЭТОГО значения

НОСТЬ



# Что делать, если FDR не помогает?

## Permutation tests:

случайные перестановки пометок «case-control»  
в компьютерных симуляциях по алгоритму:

- В исходной базе данных делаем случайную перестановку лейблов case-control

Точный тест Фишера – это тоже permutation test,  
только реализованный аналитически ( $p$   
вычисляется  
по формулам комбинаторной теории вероятностей)

- Вычисляем откорректированное  $p$  как

$$p' = \frac{\text{Число случаев } (p_{perm} \leq p)}{N}$$

# Permutation test применительно к данным об ассоциации заболеваемости с 10 SNP

Переставляем отметки «case-control» 10000 раз. В результате получаем коррекцию  $p$

SNP	Частота минорного аллеля		OR	p-value	
	Case (100)	Control (100)		Observed	Permutation
1	62	26	4,6	0,0001	0,000
2	50	30	3,7	0,009	0,010
3	40	30	2,8	0,011	0,007
4	30	30	1,0	0,023	0,025
5	20	30	0,9	0,071	0,109
6	10	30	0,9	0,096	0,098
7	10	30	0,9	0,103	0,058
8	10	30	0,9	0,120	0,067
9	10	30	0,9	0,571	0,476
10	10	30	0,9	0,911	1,000

Но так бывает не всегда

Значимо по Бонферрони

Совсем маленькая программка

```

simNum = 10000
sumDif = Table[0, {Length[frCase]}];
Do[1, RandomPermutation[2, volSample];
tot = Join[ill, health];
ill = tot[[take1, volSample]];
health = tot[[take2, volSample]];
genCase1 = gen[ill];
genControl1 = gen[health];
xiSq = genCase1[[genControl1]]^2 / (genCase1[[genControl1]] - N);
p1 = 1 - ChiSquareDistribution[xiSq];
sumDif = sumDif + ChiStep[p1];
simp = sumDif / simNum;

```

