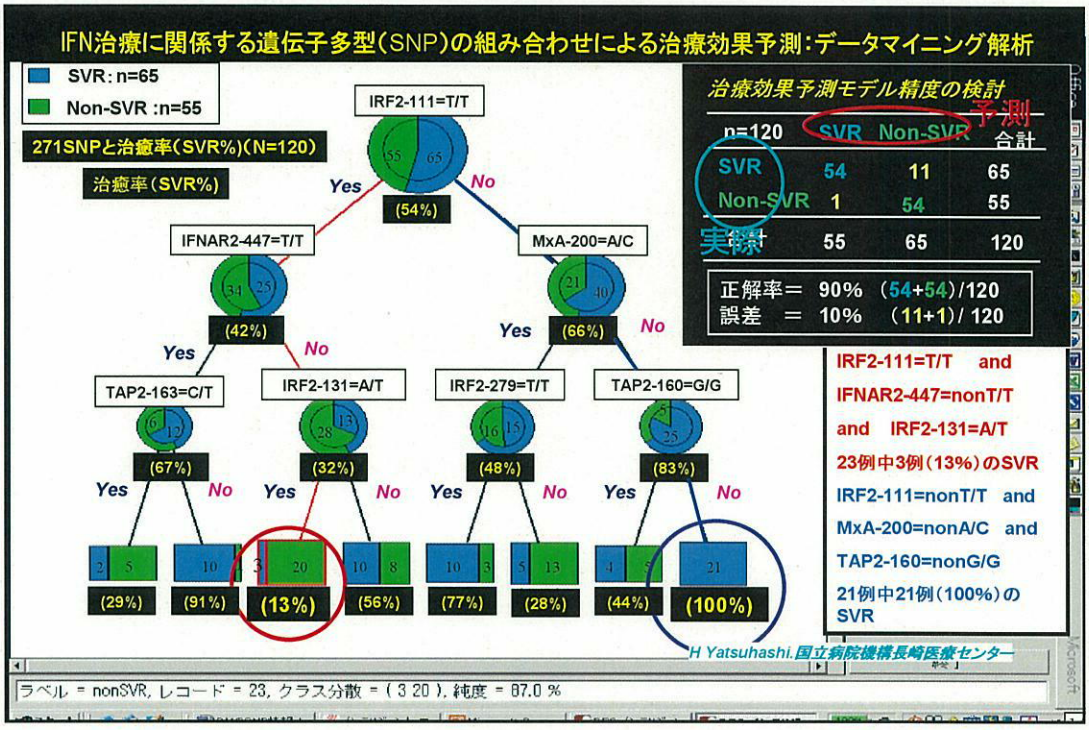
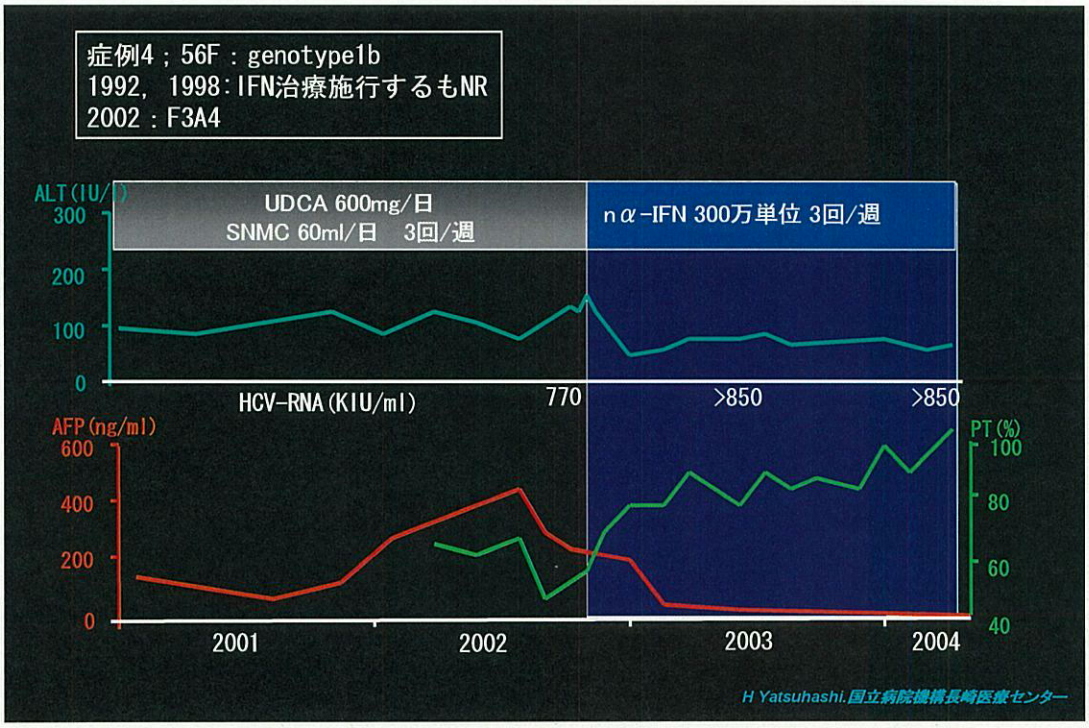

IFN治療に関係する遺伝子多型(SNP)の組み合わせによる治療効果予測:データマイニング解析
SVR: n=65
Non-SVR :n=55
271SNPと治癒率(SVR%)(N=120)
治癒率(SVR%)
IRF2-111=T/T
(54%)
Yes
No
IFNAR2-447=T/T
(42%)
MxA-200=A/C
(66%)
TAP2-163=C/T
(67%)
IRF2-131=A/T
(32%)
IRF2-279=T/T
(48%)
TAP2-160=G/G
(83%)
(29%)
(91%)
(13%)
(56%)
(77%)
(28%)
(44%)
(100%)
治療効果予測モデル精度の検討
予測
n=120 SVR Non-SVR 合計
SVR 54 11 65
Non-SVR 1 54 55
実績
合計 55 65 120
正解率= 90% (54+54)/120
誤差 = 10% (11+1)/ 120
IRF2-111=T/T and
IFNAR2-447=nonT/T
and IRF2-131=A/T
23例中3例(13%)のSVR
IRF2-111=nonT/T and
MxA-200=nonA/C and
TAP2-160=nonG/G
21例中21例(100%)の
SVR
H Yatsuhashi.国立病院機構長崎医療センター
ラベル = nonSVR, レコード = 23, クラス分散 = ( 3 20 ), 純度 = 87.0 %


症例4 ; 56F : genotype1b
1992, 1998:IFN治療施行するもNR
2002 : F3A4
ALT(IU/l)
300
200
100
0
UDCA 600mg/日
SNMC 60ml/日 3回/週
nα-IFN 300万単位 3回/週
HCV-RNA(KIU/ml)
770
>850
>850
AFP(ng/ml)
600
400
200
0
PT(%)
100
80
60
40
2001
2002
2003
2004
H Yatsuhashi.国立病院機構長崎医療センター