

## 平成24年度研究科横断型教育プログラム(Aタイプ)授業科目

開講方式	Aタイプ (研究科開講型)		研究科名	医学研究科		横断区分	理系横断型		開講場所	医学部キャンパス G棟3階演習室	
授業科目名	ゲノム疫学のためのインフォマティクスⅡ					講義担当者 所属・氏名	医学研究科 山田 亮				
配当学年	修士 博士後期 専門職	単位数	2単位	開講期	後期	曜時 限	月6限 (18:15-19:45)	授業形態	講義・演習		
〔授業の概要・目的〕											
ゲノム疫学研究では、多人数を対象に、ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオームなどのオミックス実験データを用いて遺伝因子を含む、疾病・健康リスク因子を探索する。このような研究の遂行にあたっては、分子生物学・遺伝学・臨床医学、大規模実験管理技術、計算機学・情報学、統計学・生物統計学・疫学に関する知識・技術が求められる。受講者はゲノム疫学・オミックス実験・臨床データの取り扱いに関する基礎的な事項を理解するとともに、ゲノム疫学研究に携わるための基礎的な計算機技術・データ処理技術を習得する。											
〔研究科横断型教育の概要・目的〕											
実験生物学・医学と計算機学・情報学との学際的領域として生命情報学(バイオインフォマティクス)があるが、ゲノム疫学研究の遂行にあたって求められる知識と技術は、この3種類の学問領域が構成する、さらなる学際的領域としての特徴を持つ。本授業ではゲノム疫学に関連する学問領域のいずれかの背景を持つ受講者が、関連する他領域の基礎を身につけ、ゲノム疫学に関する幅広い基礎を習得することを目指す。											
〔授業計画と内容〕											
Ⅱ(後期)の内容											
-講義の中でテキストエディタとRとは適宜使用する											
-知識											
--ゲノム疫学で取り扱う大規模データ(ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・バイオマーカー・疾患サブフェノタイプ・疾患フェノタイプ)の相互関係を理解する											
--遺伝子多型データ・遺伝子発現データを理解するための遺伝学・統計遺伝学・分子遺伝学の基礎を理解する											
--臨床データについて理解する											
-技術											
--遺伝子多型データ・臨床データの取扱いができるようになる											
〔履修要件〕											
受講者は医学・生物学を履修済みもしくは主専攻としているか、計算機学情報学を履修済みもしくは主専攻としていることを前提にするが、意欲のある者はその限りではない。「ゲノム疫学のためのインフォマティクスⅡ」の履修は前期に開講する「ゲノム疫学のためのインフォマティクスⅠ」の履修を前提とするが、受講者が自ら、Ⅰの内容を習得済みと判断する場合には、Ⅱのみの受講も可能とする。											
ノートパソコンを持参できることが望ましい。											
〔成績評価の方法・基準〕											
授業中の発言を評価する。実技の達成度を評価する。最終日に実技を含む試験を実施する。											
〔教科書〕											
指定なし											
〔参考書等〕											
『遺伝統計学の基礎』(オーム社 ISBN 978-4-274-06822-5) <a href="http://www.genome.med.kyoto-u.ac.jp/wiki_tokyo/index.php/ゲノム疫学のためのインフォマティクス2012">http://www.genome.med.kyoto-u.ac.jp/wiki_tokyo/index.php/ゲノム疫学のためのインフォマティクス2012</a>											
〔その他(授業外学習の指示・オフィスアワー等)〕											
受講者は実験系生物学、臨床医学、疫学・生物統計学、計算機学、(生命)情報学を履修済みもしくは主専攻としていることが望ましい。											