

平成26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	カテゴリー	環境・生命・医療科目群 自然科学総合科目群 計算科学・シミュレーション科目群	横断区分	理系横断型		
授業科目名 (英訳)	オミックス統計学入門Ⅱ Omics Statistics, Basic Ⅱ		講義担当者 所属・氏名	医学研究科 山田 亮		開講場所	医学キャンパス G棟3階演習室		
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〕									
<p>生命科学・医学研究においては、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数理統計学的なアプローチをすることが盛んである。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、計算機学・情報学、統計学・生物統計学に関する知識・技術が求められる。統計遺伝学はこのような学際的な学問である。受講者はオミックスデータの解析を題材に、その解析手法の背景を理解し、また、解析結果の解釈ができるようになるための基礎的知識を得る。</p> <p>【研究科横断型教育の概要・目的】 医学研究科・統計遺伝学分野では上記の目的に沿って、H24年度はフリーソフトRの使用に主眼を置いた講義を、H25年度は統計解析の理論的基礎の講義を提供した。H26年度は個別化医療への活用を念頭に置き、遺伝子多型データの取り扱い・発現データの取り扱いに関して、この領域の初学者を対象として開講する。</p>									
〔授業計画と内容〕									
<p>統計遺伝学Ⅰ(前期)と統計遺伝学Ⅱ(後期)とに分かれる。</p> <p>10・11月: 発現データの解析の基礎(トランスクリプトームの基礎、ANOVA、関連があることを前提としたデータの解釈とFDR)</p> <p>12月: 発現データと多型(eQTL)、発現データとネットワーク</p> <p>1月: 論文に提示される結果の解釈の演習</p>									
〔履修要件〕									
<p>生物学・遺伝学の基礎を習得していることが望ましいが、意欲があれば必須ではない。 無線LAN接続の可能なノートパソコンを持参すること。フリーソフトRを使えることが望ましい。 前期・後期併せての受講が望ましいが、必須ではない。</p>									
〔成績評価の方法・基準〕									
授業中の質疑応答の発言を評価する。最終日に試験を実施する。									
〔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)									
〔その他(授業外学習の指示・オフィスアワー等)〕									
受講者に応じて日英二言語での実施となる可能性もある。									