

## 平成29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			横断 区分	理系横断型	
授業科目名 (英訳)	統計遺伝学基礎 II Introductory Genetics-Statistics II		講義担当者 所属・職名・ 氏名	医学研究科・教授・山田 亮			開講 場所	病院西地区			
配当 学年	修士 博士後期 専門職	単位 数	2単位	開講年 度・開講 期	後期	曜時限	月6限 (18:15-19:45)	授業 形態	講義・ 演習	使用 言語	日本語・ 英語
〔授業の概要・目的〕											
<p>遺伝情報を用いたパーソナライズド・メディシン、プレジジョン・メディシンでは、色々な場面でゲノム・オミクス研究成果を活用しようとしています。遺伝情報の活用にあたっては、遺伝子検査を行います。本講義では、到達目標の項に示す4つの場面を取り上げ、遺伝子検査を実臨床に用いること・リスク情報提供することを念頭に置き、そのような検査の妥当性がどのようにして得られるのか、その妥当性に照らしてどのように検査結果を解釈するのか、ということを理解するための統計学的背景の理解を目指します。</p> <p>また、それらをよく理解することは大事ですが、遺伝子検査領域は進展が著しいので、今後の進展に自力でついていくための統計学的基礎力を身に付けることも重要です。その基礎力として有用なスキルの一つは、自身でデータをシミュレーション作成し、統計解析を試みるというものです。本講義では講義資料の大半を統計用コンピュータ言語である『R』にて記述することを通じて、このスキルの体得も目指します。</p> <p>なお、統計遺伝学分野が提供する講義は、本講義「統計遺伝学基礎 I II」、昨年度の講義「統計遺伝学 I II」、来年度の講義「統計遺伝学のための数学 I II」等となりますが、本講義がもっとも初心者向けの内容です。</p> <p>また、本科目は研究科横断型教育プログラムのひとつであり、他研究科学生の履修・聴講が可能です。</p>											
〔研究科横断型教育の概要・目的〕											
統計遺伝学は、遺伝学・統計学・情報学・医学コミュニケーション学の融合分野であり、幅広いバックグラウンドの学生が目指すことがふさわしい学問領域である。											
〔到達目標〕											
以下に示す4つの場面([A]場面)について、オミクス時代の特徴([B]留意事項)を留意して、遺伝子検査結果解釈のための統計学的な背景を理解し、他人に自分の言葉で説明できるようになることを目標とします。											
〔A〕場面											
<ul style="list-style-type: none"> <li>●メンデル遺伝</li> <li>●(BRCA1/2 のような)Cancer syndromes</li> <li>●(SNP を中心とした)複合遺伝性疾患</li> <li>●発現プロファイルでの疾患サブタイプ分け</li> </ul>											
〔B〕留意事項											
<ul style="list-style-type: none"> <li>●古典的な遺伝子診断と NGS 時代の遺伝子診断の異同</li> <li>●予防的乳腺摘出など、遺伝情報活用が「強烈な」決断を迫ること</li> <li>●23&amp;me 等の DTC(Direct-To-Consumer)遺伝子キットの結果解釈</li> <li>●バイオマーカー選定とその臨床活用のバリデーション</li> </ul>											
〔授業計画と内容〕											
統計遺伝学基礎 I (前期)と統計遺伝学基礎 II (後期)とに分かれる。											
<p>以下の内容を、前後期で実施する。1, 2を前期で3, 4を後期で実施する予定であるが、年度ごとに、受講者の習得速度がばらつくため、実際の進め方は、上記を原則として、適宜調整する予定。後期 統計遺伝学基礎 II の内容を先取りする可能性もあり、統計遺伝学基礎 I の内容を後期に繰り延べにする可能性もある。</p>											

- 1 メンデル遺伝
  - 家系図
  - メンデル遺伝のジェノタイプとフェノタイプ
  - NGSと疾患責任変異
- 2 Cancer syndromes
  - その基礎
  - リスク評価
  - 決断支援ツール
- 3 複合遺伝性疾患
  - 遺伝モデル
  - 集団・コホート
  - 2x3表の関連検定
  - 多座位モデル
- 4 トランスクリプトーム、発現プロファイルによる癌のサブタイピング
  - 予後のための癌の分子プロファイリング
  - Differential expression analysis
  - クラスタリングとヒートマップ
  - 教師ありクラスタリング
  - バリデーション

〔履修要件〕

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。計算機・プログラミングの知識は要求しないが、初学者は復習が必須となる。前期・後期併せての受講が望ましいが、必須ではない。

〔成績評価の方法・観点及び達成度〕

授業中の質疑応答の発言を評価する。  
宿題の提出内容を評価する。  
最終日に試験を実施する。

〔教科書〕

ryamada 『StatGenet2017Text: Use of Genetic Data in Clinics (English Edition)』 (Kindle) ISBN:B01MRQM1CG 教科書はフリーで作成可能です <http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20161120>

〔参考書等〕

ryamada 『StatGenet2017Text: Use of Genetic Data in Clinics (English Edition)』 (Kindle) ISBN:B01MRQM1CG 教科書はフリーで作成可能です <http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20161120>

〔授業外学修(予習・復習)等〕

ryamada 『StatGenet2017Text: Use of Genetic Data in Clinics (English Edition)』 (Kindle) ISBN:B01MRQM1CG 教科書はフリーで作成可能です <http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20161120>

〔その他(授業外学習の指示・オフィスアワー等)〕

英語を基本に、日本語も使います。

オフィスアワーの詳細については、KULASIS で確認してください。