

## 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Ⅰ Omics Statistics, Basic I		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	前期	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】

生命科学・医科学研究においては、ゲノム・トランスクript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。

## 【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。

## 【授業計画と内容】

統計遺伝学Ⅰ(前期)と統計遺伝学Ⅱ(後期)とに分かれる。

4・5・6月：

一塩基多型データの取り扱い(多型の基礎、優性・劣性・相加モデル、連鎖不平衡、分割表検定、オッズ比、リスク、多重検定)

フリー統計ソフトRの基礎

7月：

次世代シークエンサーデータの取り扱い(NGSデータの解釈のための確率・統計)

## 【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。

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・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。