

授業科目名 <英訳>	統計遺伝学 II Statistical Genetics II		担当者所属・ 職名・氏名	医学研究科 教授 山田 亮							
配当 学年	博士	単位数	2	開講年度・ 開講期	2018・ 後期	曜時限	火5	授業 形態	講義・演習	使用 言語	日本語及び英語

[授業の概要・目的]

統計遺伝学の学修にあたり3つの要素に分けて取り組む。基礎数学、統計解析の基礎、統計解析の応用の3つである。

基礎数学は線形代数学、微分積分学、グラフ理論、情報幾何学の4つを扱う。基礎ではデータ型・検定・推定の考え方を扱う。応用では、メンデル型遺伝、癌症候群、複合遺伝性疾患、発現解析を取り上げる。

これらを以下のような6つのモジュールとして提供する。

基礎数学A(線形代数とグラフ理論)、基礎数学B(微分積分学と情報幾何)

統計解析基礎A(データ型と検定)、統計解析B(推定)

統計解析応用A(メンデル型遺伝、癌症候群)、統計解析応用B(複合遺伝性疾患と発現解析)

統計遺伝学I、IIはそれぞれ前期、後期に開講するが、年度ごとにその提供内容は変わる。

2018年度からの提供予定は以下のとおりとする。

2018 前期 基礎数学A、後期 統計解析基礎A

2019 前期 基礎数学B、後期 統計解析応用B

2020 前期 基礎数学A、後期 統計解析基礎B

2021 前期 基礎数学B、後期 統計解析応用A

また、統計遺伝学I IIの講義では、プログラミング言語Rを使い、計算、データ解析、データ視覚化、データシミュレーションの技術も学ぶ。

[到達目標]

基礎数学A：行列演算による、二乗法・PCAがわかる。グラフ理論の基礎を習得する。

基礎数学B：確率密度関数の微分積分の式が理解できる。尤度関数と最尤推定のための微分演算が理解できる。近似のための微積分が理解できる。情報幾何の基礎を理解する。

統計解析基礎A：統計遺伝学分野におけるデータ型、検定、漸近近似検定、正確確率検定、分割表検定を理解する。

統計解析基礎B：点推定・区間推定、ベイズ推定、最尤推定、尤度関数を理解する。

統計解析応用A：メンデル遺伝形質のリスク評価、癌症候群のリスク評価を理解する。

統計解析応用B：複合遺伝性疾患の遺伝モデルとそのリスク評価、遺伝子発現プロファイルとバイオマーカーについて理解する。

いずれのモジュールにおいても、コンピュータ言語Rを用いて基礎的な計算・プログラミングの技術を習得する。

[授業計画と内容]

数学基礎A

前半に線形代数を、後半にグラフ理論を扱う。

線形代数では、行列計算、分散共分散行列、最小二乗法、連立方程式、PCA、最適解を順に取り上

統計遺伝学 II (2)へ続く

統計遺伝学 II (2)

げる。
グラフ理論では、グラフの定義、グラフオブジェクトのRでの取り扱い、木、最小全域木、ランダムグラフ、ネットワークを順に取り上げる。

数学基礎B

前半に微分積分学を、後半に情報幾何を扱う。

微分積分学では、確率密度分布の期待値、尤度関数と最尤推定のための微分、確率密度関数・累積分布関数・ハザード関数のための微分積分、偏微分とHWE、最小二乗法、テイラー展開を順に取り上げる。

情報幾何では、その基礎、フィッシャー情報量、双対平坦、指数型分布族、KLダイバージェンスを取り上げる。

統計解析基礎A

データ型、カテゴリと正単体、 2×2 表のカイ二乗検定と正確確率検定、HWE検定とその正確確率検定、 2×3 表検定と遺伝モデル、一様分布とマルチプルテストとボンフェロニ補正を順に扱う

統計解析基礎B

点推定と区間推定、ベイズ推定、二項分布とベータ分布、ハプロタイプ頻度推定とEMアルゴリズム、連鎖不平衡ブロックを順に扱う。

統計解析応用A

前半にメンデル遺伝を、後半に癌症候群を扱う。

メンデル遺伝では、家系図、メンデル遺伝のジェノタイプとフェノタイプ、NGSと疾患責任変異を扱う。

癌症候群では、その基礎、リスク評価、決断支援ツール、ベイズ推定、ベイジアンネットワークを扱う。

統計解析応用B

前半に複合遺伝性疾患を、後半に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を扱う。

複合遺伝性疾患では、遺伝モデル、集団・コホート、 2×3 表の関連検定、多座位モデルを扱う。

トランスクリプトーム・発現プロファイルでは、その基礎、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、バリデーション法を扱う。

【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】

統計解析基礎A,Bでは、『遺伝統計学の基礎』 ISBN 978-4274068225 とその英訳プリントを用いる。

統計遺伝学 II (3)へ続く

統計遺伝学 II (3)

[参考書等]

(参考書)

基礎数学A、Bでは、配布資料(<http://statgenet-kyotouniv.wikidot.com/2018>)を用いる。
統計解析応用A、Bでは配布資料(<http://statgenet-kyotouniv.wikidot.com/2017>)を用いる。

[授業外学習(予習・復習)等]

フリーソフトウェアRに習熟するには講義時間のみでは十分でないことが多い。日常のデータ処理などに積極的に活用するなど、使用機会を各自確保することが望まれる。
宿題が出る。

(その他(オフィスアワー等))

特になし

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。