

授業科目名 <英訳>		統計遺伝学基礎 I I Introductory Genetics-Statistics II			担当者所属・ 職名・氏名		医学研究科 教授 山田 亮				
配当 学年	専門職	単位数	2	開講年度・ 開講期	2015・ 後期不定	曜時限	月 6	授業 形態	講義	使用 言語	日本語及び英語

[授業の概要・目的]

ライフサイエンス研究においては、大規模データ科学と呼ばれる分野の発展が著しい。本講義では、そのようなアプローチをするために必要となる、基礎的な統計学的検定・推定の基本事項を修めることを目標とする。データの解釈・手法の理解と、それらをコンピュータを使って実施することの両方を重視する。題材は主に、遺伝因子解析を取り上げる。なお、医学研究科・統計遺伝学分野では上記の目的に沿って、3-4年周期で基礎からやや難解な内容へと変えて提供しているが、H27年度は、最も基礎的な内容に戻っての実施となる。

ライフサイエンスにおいては、医学・生物学、計算機学・情報学、統計学・数理科学の3分野の学際化が進んでいる。学部教育とその延長としての大学院教育ではその学際的部分を学ぶ機会が限られていることから、本講義ではライフサイエンスを題材に、統計学を学び計算機を利用する場を提供する。

[到達目標]

- 回帰法の基礎を理解する
- クラスタリング法の基礎を理解する
- ベイジアンネットワーク法の基礎を理解する
- Rの諸関数を探ることができるようになる
- Rの諸関数を実行し、その結果オブジェクトを扱えるようになる
- 表現型データをデータハンドリング的に定義する技術を習得する

[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。

以下の内容を、前期の習得を前提として、実施する。

統計学：データマイニングの基礎

回帰・クラスタリング・ベイジアンネットワーク

計算機利用：フリー統計ソフトRの活用

データマイニング諸法の実行

コマンドラインアプリケーションの利用

医学生物学

遺伝子発現、多彩な臨床表現型

※ 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

統計遺伝学基礎 I I (2)へ続く↓↓↓

統計遺伝学基礎 ⅠⅠ (2)

[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。前期で扱った計算機スキルを有することを前提とする。

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]

使用しない

[参考書等]

(参考書)

山田 亮 『遺伝統計学の基礎』 (オーム社) ISBN:978-4-274-06822-5

ryamada(山田 亮) 『発病リスク推定のためのベイジアンネットワーク~オミックス統計学2014_6』

(kindle) ISBN:B00IHP1ON2 ("http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20141224"から無料で入手可能)

ryamada(山田 亮) 『ジェノタイプ推定で学ぶベイジアンネットワーク』 (kindle) ISBN:

B00PMKZOXQ ("http://d.hatena.ne.jp/ryamada22/20141224"から無料で入手可能)

(関連URL)

<http://www.genome.med.kyoto-u.ac.jp/StatGenetCourse/course/view.php?id=33>(担当教員を通じて受講登録をするまでは、login as a guestボタンをクリックしてアクセスすること)

[授業外学習 (予習・復習) 等]

前期の内容に習熟していれば、各回に出される課題を実施・提出するだけで、特に予復習を入念に行うことはない。

(その他 (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。

※オフィスアワー実施の有無は、KULASISで確認してください。