

遺伝統計学講義一覧：座学

番号	演題	詳細	時間 (分)	解説
1	遺伝統計学と数理統計学	遺伝統計学と数理統計学の関係	30	遺伝統計学と数理統計学の根本的な概念の違いについて紹介し、本トレーニングの目的について確認します。
2	遺伝的多型と集団	Polymorphism 遺伝子型頻度とアレル頻度 ハーディー・ワインバーク平衡 ヘテロ接合度 近親婚とその影響 集団の構造化	120	個人の違いはどのように遺伝的データで表現されるのか、つまり多型について説明します。また遺伝データの情報の記述について説明します。
3	ハプロタイプと連鎖不平衡	HaplotypeとPhase 連鎖不平衡 (LD) と形質部位の探索 継承ベクトル LDマップ LD係数の計算法 LDブロックの構築 尤度と最尤法 遺伝子型データからハプロタイプ形の推定	60	連鎖から定義されるハプロタイプについて説明します。さらに連鎖不平衡状態を学習し、観測された遺伝的データからどのように連鎖不平衡を評価すればよいか説明します。連鎖解析、関連解析を理解する基礎知識としても必要です。また集団におけるハプロタイプ頻度の推定について紹介します。
4	連鎖解析	連鎖解析の基礎 ロッド値, 単点・多点解析, 家系データ パラメトリック連鎖解析 組み換え割合の推定 連鎖解析ソフトウェア ノンパラメトリック連鎖解析 罹患同胞対解析	120	家系データから表現型に関連する座位を推定する連鎖解析手法について説明します。尤度関数, 推定アルゴリズムについても詳しく説明します。またデータ記述例についても紹介します。
5	表現型関連解析	ゲノムワイド関連解析 タイプの誤りの多重性 様々な統計モデル SNPインビュテーション	120	集団データを対象にした表現型と関連した座位を推定する手法について説明します。量的, 質的表現型を対象とした関連解析をはじめ, ゲノム研究で用いられる統計モデルについても紹介します。またゲノムインビュテーション, 次世代シーケンサを用いた解析についても紹介します。
6	ゲノム研究デザインと先行研究の評価	HaplotypeとPhase ゲノムワイド関連研究のデザイン メタ解析とその他の先行研究の評価	60	ゲノムワイド関連研究における研究デザインについて紹介します。遺伝継承様式への仮説検定と検出力との関係を紹介し, いくつかの研究を例題として適切なサンプルサイズの設定法について紹介します。さらに先行研究を評価するための方法でメタ解析法について紹介します。
7	ゲノム研究の応用事例	PGx研究 遺伝子検査サービス 動植物のゲノム研究 ゲノムデータベース	90	ゲノム研究の出口について紹介します。医薬品に関連するゲノム研究, 遺伝子検査サービスにおけるGWAS解析結果の利用法など紹介します。また動植物のゲノム研究事例についても紹介します。
8	Post-GWAS解析	Mendelian Randomization Polygenic Risk Score Missing heritability Gene-wise解析 LD score regression Gene Set Enrichment Analysis	120	蓄積されたGWAS研究結果を利用した解析手法について紹介します。
9	HLAデータの関連解析	HLAアレルと形質との関連解析 HLA imputation HLAアレル頻度データベース	60	HLAアレルと形質との関連解析の手法について紹介します。またSNPチップデータからHLAアレルを推定するHLA imputationの紹介, HLAアレル頻度データベースについても紹介します。
10	データサイエンス	データの取得と背景情報 データの浄化と均質化 データの解析 モデル化とモデル選択 モデルバリデーションと予測 データ取得者とデータ解析者をつなぐデータの記述法	90	データの取得から解析, さらにデータの記述まで一貫したデータ解析について説明します。伝統的な数理統計モデルに加え, 機械学習やTextile plotなど新しい手法についても説明します。