

遺伝統計学講義一覧：演習

番号	演題	詳細	時間 (分)	解説
1	ゲノムワイド関連解析演習 (1)	個体のQC : Call Rate, IBD 推定、集団の構造化 SNPのQC : Call Rate, MAF, HWE法則への適合度 検定 質的形質のゲノムワイド関連 解析 量的形質のゲノムワイド関連 解析 マンハッタンプロット、QQプロット の描画と結果の眺め方	120	シミュレーションデータを用いてゲノムワイド関連解析の流れを体験しま ず。本演習では次のことが体験できます。 ● ファイル形式の確認 ● 個体のQC、SNPのQC ● 集団の構造化解析 ● 質的および量的形質のゲノムワイド関連解析 ● 共変量の導入 ● マンハッタンプロット、QQプロットの描画 【利用するソフトウェア】plink, R
2	ゲノムワイド関連解析演習 (2)	SNP imputation済みvcf ファイルを用いたSNP QCおよ びGWAS演習	60	SNP imputation済のvcfファイルを用いたSNPのQC方法、ゲノムワ イド関連解析の方法を体験します。 ● ファイル形式の確認 ● SNP imputationを行ったSNPのQC ● ゲノムワイド関連解析 【利用するソフトウェア】plink version1.9.0, R
3	研究デザイン演習	検出力シミュレーション 先行研究の事後検出力算出	60	ゲノムワイド関連研究に必要な症例数を検出力に基づいて推定する 演習を行います。また先行研究論文のアブストラクト情報から事後検 出力を推定する方法について紹介します。 ● ケース群とコントロール群のサンプルサイズ、アレル頻度、有意水準、 オッズ比を与えて検出力を推定する ● 期待する検出力を達成するために必要なサンプルサイズを推定する 【利用するソフトウェア】R, GDesianMini
4	遺伝子検査コンテンツ演習	感度、特異度から陽性 的中 率の推定	60	先行研究論文を参考に、SNP遺伝型に対する陽性適中率を推定す る方法について演習を行います。 ● アレル頻度、有病率の調査 ● 浸透率、陽性適中率の推定 【利用するソフトウェア】R
5	メタ解析演習	ケース・コントロール研究結果 の統合評価	60	GWASカタログに登録された中から1つの形質に注目して、複数の研 究結果をメタ解析で統合的評価を行う方法について演習します。 ● オッズ比とオッズ比の標準誤差を用いた統合的評価 ● 回帰係数と回帰係数の標準誤差を用いた統合的評価 ● 均質性の検定、関連性の有無の検定、フォレストプロットの描画 【利用するソフトウェア】R
6	Post-GWAS演習(1)	Polygenic Risk Scoreの 算出 メンデル無作為化解析	90	シミュレーションデータを用いて複数のSNP遺伝型を用いてPolygenic Risk Scoreを算出し、メンデル無作為化解析を行います。 ● PRS値の算出 ● 回帰モデルとメンデル無作為化解析 【利用するソフトウェア】R
7	Post-GWAS演習(2)	Gene-wise解析 LD score regression解析	60	シミュレーションデータを用いて、Gene-wise解析およびLD score regression解析を行います。演習時間の関係上、1つの染色体を 対象とした演習を行います。 ● Burdenテスト、SCAT ● カイ2乗統計量とLD係数 【利用するソフトウェア】EPACTS