

No.48

コース名 Course Title	CIBoG 遺伝統計学演習 CIBoG Practical hands-on seminar for genetic statistics
科目種別 Course Type	基盤医科学実習 ベーシクトレーニング Basic Training
収容人数 Capacity	20名
担当教員 Instructor	中柘昌弘 Masahiro Nakatochi
担当教員専門分野 Department	遺伝統計学、疫学、バイオインフォマティクス
担当教員連絡先 Contact	内線 Ext: 82-1923 E-mail: mnakatochi@met.nagoya-u.ac.jp
単位数 Number of Credits	0.5単位
実施日時 Time and Date	2日間かけて実施する。 9月5日(火):10時~18時 9月12日(火):10時~18時
実施場所 Place	対面講義で実施する。開催場所は以下とする。 建物名 (Building): 大幸キャンパス キャンパス内の部屋の詳細は追って連絡する
授業形態 Type of Class	実習 Seminar (対面参加)
授業の目的 Objectives of the Course	遺伝疫学データを用いて体質に影響する遺伝要因を探索するアプローチの実践方法について講義する。ゲノムワイド関連研究(GWAS)を例に、遺伝学、遺伝疫学、遺伝統計学の基礎を学ぶ。 Lecture on the practical application of approaches that use genetic epidemiology data to search for genetic factors that influence traits. The course will cover the basics of genetics, genetic epidemiology, genetic statistics, using genome-wide association studies (GWAS) as an example.
学習到達目標 Goals of the Course	社会・集団を対象にヒトの健康情報が大規模に収集されるようになってきた。本講義では、大規模な疫学・遺伝学的アプローチによって得られた一塩基多型(single nucleotide polymorphism, SNP)データの取り扱い・解析方法を身に着ける。まずMac or Linuxコマンドの簡単な使用方法について習得し、その後、R及びPLINKを活用し、ゲノムデータを取得してから前処理・統計解析・結果の考察までを行うためのスキル・知識を習得させることを目標とする。 Human health information is now being collected on a large scale for societies and populations. In this course, students will learn how to handle and analyze SNP (single nucleotide polymorphism) data obtained through large-scale epidemiological and genetic approaches. The goal of this course is to provide students with the skills and knowledge to acquire simple Mac or Linux command usage, followed by the acquisition of genomic data, preprocessing, statistical analysis, and discussion of the results, utilizing R and PLINK.
授業の構成 Course Content	大規模なヒト集団から得られたコホートデータやゲノムデータ(主に一塩基多型(SNP))を中心に扱う。主に、Mac or Linuxコマンドを活用し、データを取得してから前処理・統計解析・結果の考察までを実践的ハンズオン形式で進める。各自、ノートPCを用意すること。Windows のノートPCの場合、Windows subsystem for Linux (WSL)をインストールしてLinuxを操作する。WSLの導入手順は事前に指示する。 Focuses on cohort data and genomic data (single nucleotide polymorphisms (SNPs)) obtained from large human populations. Mainly, Linux command are utilized, and from data acquisition to pre-processing, statistical analysis, and consideration of the results, proceed in a practical hands-on format. Each student should prepare his/her own PC.
教科書・参考図書等 Textbooks	教科書無し。参考書は講義中に紹介します。
成績評価方法 Grading system	演習における出席、レポート等により総合的に判断します。To be globally assessed based on attendance and the student's report.
備考 Additional Information	本科目は、総合保健学専攻で開講している基礎/基盤医科学実習の“遺伝統計学演習”として履修することもできます。ただし、医科学専攻の科目、総合保健学専攻の科目どちらか片方としてのみ履修可能です。